

1/74

50

HCV-1	1a	ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAAAAAAAAAACAAACGTAACACCAACCG
HCV-J	1b	-----A-----G-----C-----
HCG9	1c	-----G-----C-----
BNL1	1d	-----G-----C-----
BNL2	1d	-----G-----C-----
CAM1078	1e	-----G-----C-----A-A
FR2	1f	-----G-----C-----C-----
HC-J6	2a	-----A-----G-----C-----A-A-----
HC-J8	2b	-----A-----G-----C-----A-A-----A-----
S83	2c	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
NE92	2d	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
FR4	2f	-----A-----G-----CT-----A-A-----T-----
BNL4	2e	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
BNL5	2h	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
NZL1	3a	-----ACT-----G-----C-----A-A-----T-----
HCV-TR	3b	-----ACT-----G-C-----C-----A-A-----ACT-----
NE48	3c	-----ACT---A---C---G-----C-----A-A-----T-----
NE274	3d	-----ACT---A---C---G-----C-----A-A-----T-----
NE145	3e	-----ACT---A---C---G-----C-----A-A-----GT-----
NE125	3f	-----ATT-----G-C-CC-----A-A-----ACC-----
Z4	4a	-----G-----C-----
Z1	4b	-----A-----G-----C-----
GB358	4c	-----G-----C-----
DK13	4d	-----G-----C-----
GB809	4e	-----T-----G-----C-----
BNL7	4k	-----G-----C-----
BE95	5a	-----G-----C-----A-A-----
HK2	6a	-----ACT---A---C---G-----C-----A-A-----
FR1	7a	-----ACT---A---C---G-----C-----A-A--T--T-----
VN4	8a	-----ACT---A---C---G-----C-----A-A-----T-----
VN13	8b	-----ACT-----G-----C-----A-----
VN12	9a	-----ACT---A---C---G-----C-----A-A-----A-----
NE98	10a	-----ACT-----A---G-----C-----A-A-----N

Figure 1 -continued

2/74

		51		100
HCV-1	1a	TCGCCCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAG		
HCV-J	1b	C-----T-----C-----T-----		
HC-G9	1c	C-----T-----C-----C-----		
BNL1	1d	C-----T--K-GS--NNNNNNN-----		
BNL2	1d	C-----N-----T-----		
CAM1078	1e	C-----C-----T-----C-----		
FR2	1f	C-----T--A-----G--G-----G-----		
HC-J6	2a	-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----		
HC-J8	2b	C-----T-----C-----C-----		
S83	2c	C-----C-----T-----C-----		
NE92	2d	C-----C-----T-----C-----		
FR4	2f	-----T-----C-----C-----C-----		
BNL3	2e	C-----C-----C-----C-----		
BNL5	2h	C-----T-----C-----T-----C-----		
NZL1	3a	-----A-----		
HCV-TR	3b	-----A-----T-----C-----A-----		
NE48	3c	-----C-----		
NE274	3d	-----T-----C-----C-----		
NE145	3e	-----G--A-----T-----C-----C-----		
NE125	3f	C-----C-----T-----G-----		
Z4	4a	C-----CAT-----A-----T-----C-----C-----		
Z1	4b	-----CAT-----T--G--A-----C-----C-----		
GB358	4c	C-----CAT-----T-----C-----T-----C-----		
DK13	4d	C-----AT-----T-----C-----C-----		
GB809	4e	C-----CAT-----T-----T-----C-----C-----		
BNL7	4k	C-----CAT-----T-----T-----C-----C-----		
BE95	5a	-----C-----T-----C-----		
HK2	6a	-----AC-----C-----		
FR1	7a	-----TAT-----C-----C-----		
VN4	8a	C-----C-----		
VN13	8b	-----		
VN12	9a	-----AT-----T-----C-----		
NE98	10a	C--G-----T-----A--C-----		

Figure 1 - continued

3/74

		101		150
HCV-1	1a	TTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACGAGA		
HCV-J	1b	-----C-----C-G-----T--G		
HC-G9	1c	-----C-----G-----G		
BNL1	1d	-----C-----C-GNN-----T--G		
BNL2	1d	-----C-----C-G-----C--G		
CAM1078	1e	-C---G--C-A-----AG--C-G		
FR2	1f	-----C-G-----G		
HC-J6	2a	-A-----C-G-----A--G		
HC-J8	2b	-----C-----C-G-----A--G		
S83	2c	-A-----C-----G-----G		
NE92	2d	-A-----CC-G-----G		
FR4	2f	-----C-G-----C-A--G		
BNL3	2e	-----C-----G		
BNL5	2h	-A-----CC-G-----G		
NZL1	3a	-A--G-----AC-----C-T		
HCV-TR	3b	-A--TG--C-----T-----AC-----AGTAC-T		
NE48	3c	-A--G-----CT-----T--AC-T		
NE274	3d	-C-----AC-----A-----AGTTC-T		
NE145	3e	-A-----AC-----A--TC-T		
NE125	3f	-A--G-A-----AC-----AGT-C-T		
Z4	4a	-----C-G-----TC--		
Z1	4b	-----C-----CC-G-----AG-TC-G		
GB358	4c	-----C-G-----T--G		
DK13	4d	-----T--G		
GB809	4e	-----G-----TC-G		
BNL7	4k	-----C-G-----TC-G		
BE95	5a	-----GA-----TC-G		
HK2	6a	-----CC-G-----		
FR1	7a	-----C-T-----		
VN4	8a	-C-----C-----GC-C-----		
VN13	8b	-----C-T-----G		
VN12	9a	-C-----A-----AC-T-----G		
NE98	10a	-----G--C-A--A-----CCAG-----T--AGT-C-C		

Figure 1 - continued

4/74

151 200

HCV-1	1a	AAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGAGGTAGACGTCAGCCTATCCCCAA
HCV-J	1b	-----T--A--G--A--A-----
HC-G9	1c	-----C--G--G-----T-----
BNL1	1d	-----A-----T--C--G--A-----
BNL2	1d	-----G-----T-AC--G--A-----T--T--
CAM1078	1e	-----G-----T--G--G--C--A-----T-----
FR2	1f	-----C--A--G--A-----
HC-J6	2a	-----G-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--
HC-J8	2b	-----T-----A--C--G--G--T--AC-----C-----C-----G--
S83	2c	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--
NE92	2d	--A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----
FR4	2f	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----A--
BNL3	2e	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--
BNL5	2h	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--
NZL1	3a	--A-----T--A-----A--G-----C--AC-----A-----
HCV-TR	3b	-----G-----CAAACAG-----C-T-----
NE48	3c	-----A--G-----C--CGC--G--G-----
NE274	3d	--A-----AG-----C--CAACC--G--G-----
NE145	3e	-----A-----A-----C--C--AC--G--A-----T-----
NE125	3f	--AT-----C--AC--G--G-----
Z4	4a	-----G-----T--C--G-----A-----
Z1	4b	-----G-----A-----T--C--G-----
GB358	4c	-----G-----T--G-----
DK13	4d	-----G-----T--G--G--C-----
GB809	4e	-----G-----T--G--G--C--A-----
BNL7	4k	-----G-----T--G-----C--A-----
BE95	5a	-----G--A-----C--T--AC--G-----T-----
HK2	6a	-----A--C--G--CA-----C--G--C--A-----A--A--
FR1	7a	-----C-----A-----C--G--A-----C--G--C-----C--A--A--
VN4	8a	-----T--A-----C--G--CA-----G--C--A--A--A-----
VN13	8b	--A-----T--A-----C--G--CA--G-----C--A-----A--G--
VN12	9a	-----G--A-----C--GG--CA-----G--C--A--A--A-----
NE98	10a	-----CA-----G--C--A--C-----G

Figure 1 - continued

5/74

		201		250
HCV-1	1a	GGCTCGTCGGCCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGCCCCGGGTACCCTTGGC		
HCV-J	1b	-----C-----T-----		
HC-G9	1c	---C--C--A-----A--T-----G-----		
BNL1	1d	-----Y--Y-----T-----T-----		
BNL2	1d	-----C-A-T---T---NN-----A---C-T--C---		
CAM1078	1e	--AG--C--A-----T		
FR2	1f	-----C--A-----T-----T-----A---		
HC-J6	2a	--A---G--CT--ACT---AAT-----GAA-A--A--A-----C---		
HC-J8	2b	A-A---G--CT--ACC---A-T-----GAA---A--A--T-----		
S83	2c	A-A---G--CA--ACT---A-T-----GAAG---A--A-----		
NE92	2d	A-A---G--C---ACT---A-T-----GAA-A--A--A-----		
FR4	2f	A-A---G--CG--ACT---A-T-----GA-GT--A--A-----		
BNL3	2e	A-A---GN-NG--ACT---T-----GA-GT--A--A--T--C---		
BNL5	2h	A-A---G--CT--ACT---AAT-----GA-GT--A--A-----		
NZL1	3a	---G-----AG---A---C--T-----		
HCV-TR	3b	-----CTC--G-----C--T-----		
NE48	3c	---G-----TGG-----AC--T-----G-----		
NE274	3d	---A-----AG-----C--T-----T-----		
NE145	3e	---A--C-C-AG--GA--AC--T-----G-----T-----C---		
NE125	3f	---A--C--AAG-----C--T-----C-----T-----		
Z4	4a	---G--C-A---A-----AT-----G-----		
Z1	4b	---G--C---T-----T-----		
GB358	4c	---A-----AT-T---A--T-----A---		
DK13	4d	---G--C-AA-T-----T--T-----T-----T-----		
GB809	4e	---G--C--AT-----AT-----G-----T-----		
BNL7	4k	---G-----AT-----A--T-----A-----A--A--T--A---		
BE95	5a	---G--C-A---AC---C--T-----G--A-----		
HK2	6a	---G--C-A---C-----CA-----A-----		
FR1	7a	--TA--C-A---GACA---C-T-G---G---A-----C-----		
VN4	8a	A-TG--C-AC-AAAC---C-T-----C-----C---		
VN13	8b	--TG---AC-AAAC---C-T-----A-----C---		
VN12	9a	--TG--C-A-AA-C-A---C-A-----T-----C---		
NE98	10a	---G--C--AA-----T-----		

6/74

Figure 1- continued

		251		300
HCV-1	1a	CCCTCTATGGCAATGAGGGCTGCGGGTGGGCGGGATGGCTCCTGTCTCCC		
HCV-J	1b	-----C-----TATG-----A-----A---		
HC-G9	1c	-----C-----T-----C---		
BNL1	1d	-----N-----C---		
BNL2	1d	-----A-----C---		
FR2	1f	-----CT--C-----A-----C--T		
HC-J6	2a	----A--C--G-----ACT--C----A-----C---		
HC-J8	2b	----G--C--A--C-----T-----C-----T-----C---		
S83	2c	----G-----G-----CT--C----A--G-----C---		
NE92	2d	----G--C--G-----CT--C----A--G-----C---		
FR4	2f	----G--C--G--C-----CT--C----A--G-----C---		
BNL3	2e	----G-----G--C-----GCT--C----A-----C---		
BNL5	2h	----G-----G--C-----CTT--T----A-----T----C--T		
NZL1	3a	-----T--C-----A--G-----C--A		
HCV-TR	3b	-----C--G--A-----T--T--A-----T--C--		
NE48	3c	-----C--T-----C---		
NE274	3d	-T--T-----T-----A-----T--C--		
NE145	3e	-----T--C-----A--G-----T-----T		
NE125	3f	-----G-----T-----A-----		
Z4	4a	-----A--G-----T		
Z1	4b	----T--C-----T-----A--G-----C---		
GB358	4c	-T--T--C--T-----T-----A--T		
DK13	4d	----T--C-----A---		
GB809	4e	----T--C-----T-----A--G-----C--T		
BNL7	4k	-T--T--C--T-----T-----ANN-----T--C--		
BE95	5a	----T--C--C-----CT-----A--G-----G--C--C--T		
HK2	6a	-T--T-----A--C-----T-----A--T-----C---		
FR1	7a	----T-----C-----A-----C---		
VN4	8a	-T--T-----A-----T--T-----A--C-----C---		
VN13	8b	-T--T-----G-----T--T--C-----A--G-----C---		
VN12	9a	----T-----G--C-----C-----G-----T--C---		
NE98	10a	----A-----G-----A--G-----C--G		

7/74

Figure 1 - continued

		301	350
HCV-1	1a	CGTGGCTCTCGGCCTAGCTGGGGCCCCACAGACCCCCGGCGTAGGTCGCG	
HCV-J	1b	-----T-----	
HC-G9	1c	--C-----T-----TT-T-----G-----A--	
BNL1	1d	--C-----	
BNL2	1d	--C-----	
FR2	1f	--C-----C--T-----AT-----A-----A--A--	
HC-J6	2a	--A--T--C--T--CTCT-----AT-----A-----C--	
HC-J8	2b	--C--G-----T-----CT-----C-----A--A--A--	
S83	2c	--C--T-----C--TCA-----C-----A--AA-----	
NE92	2d	--A--G-----C--GTCA-----A--T-----AC-----A--	
FR4	2f	--G-----C--CTCG-----A-AC-----AC-----A--	
BNL3	2e	--A-----	
BNL5	2h	--A-----	
NZL1	3a	--C-----C--T--ATC-----A-AT-----G-----C--	
HCV-TR	3b	-----T-----C-----T-----A-AT-----A--C--	
NE48	3c	--C--T-----G-----A-AT-----A--A--C--	
NE274	3d	--C-----ATCT-----AT-----A-----T--	
NE145	3e	--C-----C--A--G--T-----AC-----A-----C--	
NE125	3f	-----C--C-----T-----A-AT-----A--A--	
Z4	4a	--C-----ATCT-----A-AT--T-----G--A-----	
Z1	4b	--C--T--CA-----GTCT-----AT--T-----C--	
GB358	4c	-----A--GTCT-----A-AT--T-----A-----C--	
DK13	4d	-----GTCT-----G-AT--T-----G-----C--	
GB809	4e	--C--G-----GTCT-----T-AT--T-----G-----C--	
BNL7	4k	--C--T-----	
BE95	5a	--A-----AT-----AT-----A-AA-----	
HK2	6a	--C-----C-----ACAT-----AT-----C-A--C--	
FR1	7a	--C--G-----T-----AT-----AC-----A-----C--	
VN4	8a	--C-----C--A-AT-----A-AC-----G-----C--	
VN13	8b	-NC-----C-----AT-----T-AT-----N-G-----C--	
VN12	9a	-----C--GGA-----N-----AT-----N-G-----C--	
NE98	10a	--C-----	

8/74

Figure 1 - continued

		351	400
HCV-1	1a	CAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCCTTACGTGCGGCTTCGCCGACCTCA	
HCV-J	1b	T-----A-----	
HC-G9	1c	-----C-----T-----	
FR2	1f	-----A-----T-----T-----	
HC-J6	2a	---CG-----A-----T-----	
HC-J8	2b	-----C-GA-----A-----T--T--T-----	
S83	2c	---C-----A-----T--T--T-----	
NE92	2d	---C-----T-----T-----	
FR4	2f	---C-----C-----T-----T-S-----	
BNL3	2e	-----N-NT-----	
NZL1	3a	-----A-----A-----A-----	
HCV-TR	3b	---C--T-----A-----T--A-----	
NE48	3c	-----A-----G-----	
NE274	3d	---CC-----A-----A-----A-----T-----	
NE145	3e	-----C--T--C--A-----G-----T-----	
NE125	3f	---C-----C-----T--A-----T-----	
Z4	4a	---C-----G-----	
Z1	4b	T---C-----A-----G-----T-----	
GB358	4c	---C-----A--C-----T-----	
DK13	4d	---C-----A--T-----	
GB809	4e	---CC-----A--A-----	
BE95	5a	T-----A-----A-----T-----	
HK2	6a	G-----A-----T--G-----T-----	
FR1	7a	---C-----A-N--NC-A-----	
VN4	8a	---C-----A-----C-----T-----	
VN13	8b	---CC-----T--N--S-----	
VN12	9a	---CC-----C-----C--T-----	

9/74

Figure 1 - continued

		401		450
HCV-1	1a	TGGGGTACATACCGCTCGTCGGCGCCCCCTCTTGGAGGCGCTGCCAGGGCC		
HCV-J	1b	-----T-----T-----C--A--G-----		
HC-G9	1c	-----C-----T-----A--G-----A--T		
FR2	1f	-----T-----C--A--G-----T---AA--		
HC-J6	2a	-----C--TG---A-----G--C--C---TC-----A--T		
HC-J8	2b	-----C--TG---T-----GG-----TC-----A--T		
S83	2c	-----CG---T---T---CG---C---T-----A--		
NE92	2d	-----C--TG-----AG---T--T-TC-----A--T		
FR4	2f	-----TG-----G--G--C---T-----A--		
BNL3	2e	-----N--CG-T-----GG-G--C--G-TN-----		
NZL1	3a	-----C-----T---G-A-----TC--A--A---		
HCV-TR	3b	-----T-----G--G--G---TC--A--A---		
NE48	3c	-----T-----CG-G--G---T--A-----		
NE274	3d	-----T-----T---G-A-G---TC--A--A--T		
NE145	3e	-----T--T-----T--GG-A-----TC--G-----		
NE125	3f	-----T-----T--T---CG-A--G---TC--A-----		
Z4	4a	---A---C---A---G-----CG-G--G---TC-----T		
Z1	4b	---A---T-----A-----G--G--T---TC-----		
GB358	4c	---A---C-----A-----CG-G--T---TC-----		
DK13	4d	---A---C---G---A-----CG-G--T---TC-----A---		
GB809	4e	---A---C---T-A-----CG-G--T---TC-----A---		
BE95	5a	-----T--C-----A---G---CA---G---TC--A-----T		
HK2	6a	-----T--CG---G-----G---T-G--C---TC--GGCT--G		
FR1	7a	-----C--TG--C-A--A-GG--G-----C---T---GGCT---		
VN4	8a	-----T--C--TG---A-----T--GW-G-----TC--GGN----		
VN13	8b	-A-A-----T--		
VN12	9a	---A-----C--TG---T-----C-----T---GGC--AA		

10/74

Figure 1 - continued

		451	500
HCV-1	1a	CTGGCGCATGGCGTCCGGGTCTGGAAGACGGCGTGAACATGCAACAGG	
HCV-J	1b	-----A-----T-----G-----	
HC-G9	1c	-----A-----T--TA-A--C-----T--C-----	
BNL1	1d	-----	
BNL2	1d	-----	
FR2	1f	---N-A-----T-----C---N-G-----TNNNNNNNNNNNN	
HC-J6	2a	--C-----GA-A--C---G---G--T--T-T-----	
HC-J8	2b	-----A--C--T--TA---C---G---GA-A--T--C-----	
S83	2c	--C--C---G--GA-----G---GA-A--T-----G---	
NE92	2d	--C-----GA-A-----GA-A-----	
BNL3	2e	--C--N-----G---C---G---GA-A--T---N-----	
FR4	2f	--C-----G---C---G---GA-A--T-----	
BNL4	2g	-----G--A--T-----	
BNL5	2h	-----GA-A---C-----	
BNL6	2i	-----GA-A-----	
NZL1	3a	--C-----GA---CC--T-----GA-A--T-TC-----	
HCV-TR	3b	--C--T-----T--GA---CA--T-GG---A-----	
NE48	3c	--C-----GA---C---T--G---GA-T---TC-----	
NE274	3d	--C--A---T--GA-A-CC--T--G---AA-A--T-TC-----	
NE145	3e	--C--A--C--G--AA---C---C--G---AA-A--T--T-----	
NE125	3f	--A--A---T--GA---C---T--G---AA-A---T-----	
Z4	4a	-----A---C-G---G---GA-T-----	
Z1	4b	-----A---CCG---G---AA-T---C-----	
GB358	4c	-----A--C--T--TA---C-G---G---GA-C--T---G-----	
DK13	4d	-----A---C-----G---G--C--T-----	
GB809	4e	-----A--C--T--TA---C-G-----GA-C-----C-----	
BNL7	4k	-----GA-C--T-T-----	
BNL8	4k	-----GA-C--T-----	
BNL9	4k	-----GA-T--T-----	
BNL10	4k	-----GA-C--T-----	
BNL11	4k	-----GA-T--T-----	
BNL12	4l	-----GA-C--T-----	
BE95	5a	--C--A--C--T--GA---C--T--G---G--A-----	
HK2	6a	--C--A-----GA---CAA-C--G---GA-C--T-----	
FR1	7a	-----TA---CAA-C--G---G--C--T--C-----	
VN4	8a	T-----G---AN--NCA-C--G---N--A--T--C-----N	
VN12	9a	----NA-----T---A---CCA-C--G---GA-A-----	
NE98	10a	-----AA-T--T-TC-----	

11/74

Figure 1 -continued

		501	550
HCV-1	1a	GAACCTTCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCCCTGCTCTCTT	
HCV-J	1b	---T--G--C-----CT-A--TT---G---	
HC-G9	1c	-----C--C-----T-----T-G--C--T--T--A--C--	
BNL1	1d	---T-G--C-----CT---TT---G--C--	
BNL2	1d	---TT-G-----CT-A--TT-T--G--C--	
FR2	1f	N-----N-----NN-----CT---NT-A-----	
HC-J6	2a	---T-A--C-----C--T-----T-G-----G--C--	
HC-J8	2b	---TT-A--C-----T-----TT-G--T--T--T--G--A--	
S83	2c	---TT-G--C-----T--CT-----CT-G---	
NE92	2d	---T-G--C-----C--T-----T-AT-----A---	
BNL3	2e	---C-----C--T-----TNGT---T--T--G---	
FR4	2f	---T-G--C-----C--T-----T-G---T--CT-G---	
BNL4	2g	---T-G-----T-GT---T--T--G---	
BNL5	2h	---T-G--C-----C--T-----T-G---T---A--C--	
BNL6	2i	---G-----C--T-----T-A-----T---	
NZL1	3a	---T-G--C-----C--T-----T--T--T-----	
HCV-TR	3b	---T-----C--T---T---C--C--T--CT---C--	
NE48	3c	---TT-A-----C--T-----T-G--T--T--CT---A--	
NE274	3d	---TT-A--C-----T-G--T--TT-----	
NE145	3e	---C-----T-----T-G--T--T---G--A--	
NE125	3f	---TT-G--C-----C--T-----T--T--CT---A--	
Z4	4a	---T-----C-----T---A--T--T--G--	
Z1	4b	-----T-----T--A--T---G--	
GB358	4c	---T-----C-----T-CT---A--T--T--G--	
DK13	4d	---T-----C-----CT---A-----G--	
GB809	4e	---T--C--C-----C--T-----CT---A--T---G--	
BNL7	4k	-----C--C-----C--T-----CT---A--C---G--	
BNL8	4k	-----C-----T-----CT---A--C---G--	
BNL9	4k	---T-----C-----C--T-----CT---A--T---G--	
BNL10	4k	---TA---C-----Y--T-----Y---A--T---G--	
BNL11	4k	---Y--C--C-----T-----CT---A--T---G--	
BNL12	4l	-----C--C-----A-C---A--T---G--	
BE95	5a	---TT-A--C-----TA---T--T--T---G--	
HK2	6a	---T--C--C-----T---A--A---G--	
FR1	7a	---T-----C--T-----CT-A--A---T-A--G--	
VN4	8a	---T-----C--NN-----N-----N--CT---A--T---G--	
VN12	9a	---T-----WCT---A--T---G--	
NE98	10a	---TT-A-----TT--T---A--	

Figure 1 - continued

600

551

HCV-1	1a	GCTTGACTGTGCCCCGCTTCGGCCTACCAAGTGC GCAACTCCACGGGGGCTT
HCV-J	1b	-T-----CA-C--A-----C--T---G-G-----GTGT-C---A-A
HC-G9	1c	--C---A--C--T-----GT-GG-----TT-----G-G
BNL1	1d	-----G--T--AA-KA-C--TC--G-G-----G-AT-C---G-G
BNL2	1d	-----G--T--AA--A-C--TC-TG-G-----G-AT-C---G-A
FR2	1f	--C-C--A--C---A-C--T-----TG-G---A--G-A-A--C-ATGGC
HC-J6	2a	--A-C--CACC--G-TC--C--TGC-G-----AAG---AT--GTACCGGC
HC-J8	2b	--G-C--A-----A-TG--T--AGTGG---CA-G---ATT-GTTCTAGC
S83	2c	--A-CT-----A-T--C---GTGG-G--CAAGG--A--GGC-ACTCC
NE92	2d	-TA-C-----G-TC--C-G--TG--G--CAAG---A---GCA-CTC-
BNL3	2e	-TG-C--C-----T-TC--T-N-GTTG-G--CAAA--TA---GTCA-GCC
FR4	2f	-TA-C--C-----TG--T---ATA--G--TAAG---AA--GCCACT-C
BNL4	2g	-TG-C--C-----T-TC--T---GTG--G--TAAG---A---GTACCA-G
BNL5	2h	-TC-C-----G--G--C--TGTG--G--CAAG---A---GCCACTC-
BNL6	2i	--A-C--C-----G-TC--T---GTG-----TGCG---CG--GT--TTC-
NZL1	3a	----A-T-CAT--A--AG-CAGTCTAG-GTG---G--TA-GT-T--C--C
HCV-TR	3b	-----TGC-----G--T-G--TAG-GTACACG---A-GT-T--C--A
NE48	3c	-----GTCTGT--T--AG-A-GGCT-G-GTAC--G--TGTAT-C--C--C
NE274	3d	-----GTCTGT--T--G-A-GGATTG--TAC--G--TGTGT-T--C--C
NE145	3e	-----CT-TGC--T--AGTC-GG-TGG-G--T-----G-AT-C--T--C
NE125	3f	-----GT-TCC-----AG---GGCTAG-GTACA-G---A-GT-C--C--A
Z4	4a	--C-C-----T--A--G-----TG-G--CTAC--G--TG-TT-----CA-C
Z1	4b	--C---AACAA--A--A--T---GTG--CTAC--G--TG-TT-----CG-C
GB358	4c	--C-----T---A-C-----GT-A-CTAT-----TG--T-----CA-C
DK13	4d	--C-----T-----A-CTAT-----AG-T-----TG-C
GB809	4e	--C-C-----T-----G---G-GTTA-CTAT-----TG-TT-----CG--
BNL7	4k	--C-----C-----AT-A-CTAT-----TGT-T-----CA--
BNL8	4k	--C-----T-----ATTA-CTAC-----A--T-----CA-C
BNL9	4k	--C-----C-----ATTA-CTAC-A---A--T-----CA-C
BNL10	4k	-TC-----C-----ACTA-CTAT-----GT-T-----CA-C
BNL11	4k	--C-----C-----AC-A-CTAC-----TGT-T-----CA--
BNL12	4l	--C-----C--G--C-----TC-G--TTAT--G--TGT-T-----CA--
BE95	5a	-TC-----C--T--G--C--T--AGTT-CCTAC--A--TG--T-T---A--
HK2	6a	--C-C--AAC---A-----TCTTACCTACG-----GT-----A
FR1	7a	--C-C---ACA--A--C--A--AATT-----CAAG---G--T-T---A-C
VN4	8a	--C-T--AACAA--A--C--C--GGCG--TTATAC-----AAGT-T--C--G
VN12	9a	--C-C--CAC---T--C--C--ACTAA-CTATGCT---AAGT-T-----G
NE98	10a	-----CT-ACA---A-AG-C-GGCTGG-GTAC--T--TG--T-C--A--C

Figure 1 - continued

	601	650
HCV-1	1a	TACCACGTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCGGC
HCV-J	1b	-----T-----G--C--C---T-C-----A-----T-----A--
HC-G9	1c	-----T-----C-----C---TG--TCCG-----A---A
BNL1	1d	--T--T-----C--C--TT-C-----C--CA-C--T--AT--A
BNL2	1d	--T--TC-----C--TT-C-----C--CA-C--T--AT-AG
FR2	1f	-----T-----T-----C--TT-C---GGC--C--C--A--T-----AAA
HC-J6	2a	---ATG--G-----C--C---A-C--TGAT--C---ACC-GGC-ACTCCA
HC-J8	2b	---T---C---T-----T-A---AAC--C--CACC-GGC--CTCA-
S83	2c	---ATGCCG-----C-----T-C-----T-----C--T-GGC--CTT-A
NE92	2d	---ATG--A-----C---AG---AGT--C--C--C-GGC--CTCAG
BNL3	2e	--TATG-CA-----C--C--T-C---AAC--C--C--A-GGC-ATT--N
FR4	2f	---ATG-CG--T-----C--TG-C--TGAC--C--C--C-GGC--CTCAG
BNL4	2g	---ATG-CA-----C--TT-C---AAC--C--CA-C-GGC-AAT-CA
BNL5	2h	--TATG--G-----T-A---AGC--C-----C-GGC--CTTAA
BNL6	2i	---ATG--G-----T-G---AGC--C--C--T-GGC--CTC-A
NZL1	3a	---GT-C-T-----C--C--TT-C--TAGC-----T-----C-A
HCV-TR	3b	--TGTGC-T-----C--C--T---TGG--C-----C-A
NE48	3c	---ATAC-----C--TT-G---AGC--C--A-----T-----C-A
NE274	3d	---GTGC-----C--C--T---GGC-----C-----T-----CC-
NE145	3e	---ATGC-----C--T-A---AGC--C--A--A--T-----A
NE125	3f	---ATAC-T-----C--C--T---AGC--C--C-----T-----T-A
Z4	4a	--T--A-----T-G--T--C-----A--C--T--A--T-A
Z1	4b	--T--T-----A-C--C--A-----A--A
GB358	4c	--T--A-----C-----G-----C--A-----A-C-A
DK13	4d	-----T-----C-----G-----C--A--C--T--AA-C-A
GB809	4e	--T--A-----C--C---G--TG---C--A-----A-C-A
BNL7	4k	---T-T-----G--T-A-C--A-----T-----C-A
BNL8	4k	-----C-----G-----C--A--T--T-----C-A
BNL9	4k	--T--TA-----C--C---G--T-A-C--A-----T-----C-A
BNL10	4k	-----T-----C-----G--T-A-C--A-----T-----C-A
BNL11	4k	-----T-----C-----G--T-A-C--A-----TT-----C-A
BNL12	4l	-----C--C---G-----C--C--A-----T--T-C-A
BE95	5a	--T--T--T-----A---TTCC--A--C--T-----A-A
HK2	6a	-----TC---A-----C-----C--C--C---CTG-----A
FR1	7a	-----TC-T-----C---T-G---AAC--C--C--T-TT-----A
VN4	8a	-----TC-----C--C-----C---AGC--C--C--T--T-----A
VN12	9a	--T--TC-A-----C-----C--TAGC--C-----T-----AA
NE98	10a	---ATG--A--T--C--C---AG---GGT-----C-----T-----C-G

Figure 1 - continued

14/74

	651	700
HCV-1	1a	CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGGTGCGTCCCTTGCGTTTCGTGAGGGCA
HCV-J	1b	G--CATG---A-----C--C-----G--C-----C--G---A-T-
HC-G9	1c	GA-CCTG---A---TCTG--C-----T--G--C-A---A--C-----
BNL1	1d	--G-ATG---A---TAC--A-----G--C-----G---AT-
BNL2	1d	T-G-ATG---T---G-C-A---T--G--C-----G---AA--
FR2	1f	G--CAT-----T---G-T---N--G--C---A-A--G--A----
HC-J6	2a	G-C---TG---C---GTC--C-----G---AGAAA-T---G-
HC-J8	2b	T--C---AG-T--C--TCT--T--A-----A--T-AGAA---TAATG
S83	2c	A-GA---AG-G--T--T---T--A-----T-AG---ACC-C--
NE92	2d	G-----TG-T--T---GTC--C-----T-----T-AGGAGA-----
BNL3	2e	G--C---GG-G--T--TGT---T--A--T-----C---AGAA-AGCTC-G
FR4	2f	G--C---GG-G--C--TGT---T--A--T-----C--T-AGA-GTCA--T-
BNL4	2g	G-GC---GG-G--T--TGT---T--A--T-----G--T-AGTTGC-----
BNL5	2h	G-----TG-G--T---GTC--T--A--T--T--A--T-AGA-GC-CCAA-
BNL6	2i	G--G---G---T---GTC--T--A--T--T--C--T-AGT-GA---A--
NZL1	3a	T---T---T-----A--C--C--T--A-----T--C-AG--C----
HCV-TR	3b	A---TG---T-----TTA--C--A-----G--C-----CACAACC----
NE48	3c	-C---T---T-----TTG--C--T-----A--C-----C-AAA-CAAT-
NE274	3d	T--A-T---T-----TTG--A--T--T--G--C-----AATCA----
NE145	3e	A---TG-----TG--T--T-----T--C-----G-AGA-C----
NE125	3f	TA---T-----TG--C--C--T--G--C---AC---C-----T-
Z4	4a	-C--CA-----A---TTG-----A--C--T--GATGACT--G-
Z1	4b	GC-CCA---A---TTG--A-----T-----C--T--G--GAC--AG-
GB358	4c	GC-CCA-----A---CTC--A-----TT-A--C-----GA-G-TT--G-
DK13	4d	TT-CCA---T-A---CTC-----A-----T-----GA-G--A--G-
GB809	4e	-A--CA---T-A---CTC--A-----A--C--T--GAAGACC--G-
BNL7	4k	-C--CA---T---CTC--A--T-----G--C-----GA-A-----G-
BNL8	4k	-C-CCA---T---CT--A--T-----G--C-----GA-AACT--G-
BNL9	4k	-C--CA---T---TCTC--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-
BNL10	4k	-C--CA---T-AGCACT--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-
BNL11	4k	-C--CA---T---CT--A--A-----G--C-----GAAA-----A-
BNL12	4l	-C--CA---T-A---CTA--A-----T--A--C--T--GAAGACT--G-
BE95	5a	TA-CCTG-----A---G-A--T--T-----G-----T--CATGACA--T-
HK2	6a	T-C-ATG---T---TTTG--T--A---T-G-----T--GA-G-TC-ATG
FR1	7a	GACCATG--A-----TCT--A--T--T-----A--TA-CAAG-C---G-
VN4	8a	GACACTG--TT-----TTG--T-----T--A-----T--GAAGRT-RA--
VN12	9a	T-GCATG-----TCTC-----T-----C-----GAAGACC----
NE98	10a	G---ATT-----C---TTA--T--C--T-----C-----A--CTCT----

15 / 74

Figure 1 continued

	701	750
HCV-1	1a	ACGCCTCGAGGTGTTGGGTGGCGATGACCCCTACGGTGGCCACCAGGGAT
HCV-J	1b	-TTT---CC-T--C-----A--C-C--T--C---C-C--GG-----A-C
HC-G9	1c	-----CT-CC-T-GT--C--C--A---G-----
BNL1	1d	--CATCTCC-C--C---A-----C-C-----C---C-T--GGT--AAA-Y
BNL2	1d	--T-T--TC-T--C---A--C-RC-C-----C---C-T--GGT--AA--C
FR2	1f	-TAT---CC-T--C-----AC--C-C-----C---C-C--AG-GC--ATC
HC-J6	2a	-TA-A--TC---C---A-AC--G-CT-A--G-AT-----GTGCA-C-G
HC-J8	2b	G-A---T-CAT--C---A-ACAAG-A--A--C-AC-----TGTG-AAC-C
S83	2c	---T---TC-A-----C--G-TG---C-ATC-C---TA--TC-A
NE92	2d	--ATA--CC-C-----A-AC--G-TT-G--C-ATA-A--TGTG--CC-A
BNL3	2e	GTCGG-TCCAC-----A-CC---CT-G--C-ACA-A--GTG--CA-A
FR4	2f	-TAGGA-CTTC-----ACA--G-CT-G--C-AC-----TGTG--CCGA
BNL4	2g	-TAAG--CC---C---A-AC--G-C--T--C-AC-----TGTG-ACC-G
BNL5	2h	-TCAG--TC-C--C---A-AC-TG---A--C-AT-----GTG--CC-A
BNL6	2i	--A---CC-C--C---A-AC--G-C-----ACA-C--TGTG--CC-A
NZL1	3a	-TA-A--T-C---C---ACCC-AG-----A-----A-----AGT----T-C
HCV-TR	3b	--CAA--ATCA--C---ACAA--G-CT-AA-G-----GTT---ACC
NE48	3c	--A--A---C---C---A-AC--G---T--G--A-----GGT---TC-C
NE274	3d	--T-----CAA--C---A-TC--G--G-A--A--A-----GGTT-A-T-C
NE145	3e	--A-A---GA---C---ACCC--GC---A--A-----AGT---AT-C
NE125	3f	--CAG--A-----C---AC-C-AG-A--A--G--A-----TGT--AAC--
Z4	4a	--A-A---C-T--C---AC-C--G---G-----A-----TGT-GCAC-C
Z1	4b	-TA-T--TC-C--C-----C-CT-----C--T-----G-GCCCT--
GB358	4c	-TCAG--AC-C--C-----CC-C--T--C--C-----GG-GCCTT-C
DK13	4d	--AAG--T-CA--C-----T-TC-C-----C--C-----TG-GCAAC--
GB809	4e	--CAG--C-----CC-C--T--C--A-----GT-GCCTT-C
BNL7	4k	-TCAG--AC-T--C-----A--CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
BNL8	4k	-TCAG--AC-T--C-----CC-T--T-----C--C--AG-GCCAT-C
BNL9	4k	-TCAG-----T--C-----CC-T-----CA-C--AG-GCCAT-C
BNL10	4k	--CAG--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
BNL11	4k	-TCAT--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C
BNL12	4l	--A-T---C-C--C-----CT-A--A-----C-----G-GCCATA
BE95	5a	-T-TGAGT--A--C-----CCAA--T-----AC--T-AG--CC-AGC
HK2	6a	-TCGG--C-CC-----CAT--TG-----C--CC-----TACCAA--
FR1	7a	-T-AG--AC-A-----C-CC-TG-CT---C--CT-A---GT-CCCA-C
VN4	8a	-TCAA--CC---C-----CA-GCCT---G--CC-----AGTGCC-A-C
VN12	9a	--CTGA-C-A-----C--T--GCCT---G--AT----GGTGCA-A--
NE98	10a	-TA-A--A--A--C---A-CC-TG---G---Y--C--C---GTG-A-TCG

Figure 1 - continued

	751	800
HCV-1	1a	GGCAAAC TCCCCGCGACGCAGCTTCGACGTCACATCGATCTGCTTGTCGG
HCV-J	1b	A---GCA-----A-C---ACAA-A-----C---G-----T---C---T---
HC-G9	1c	TCGCGCG-----TC-GTG--G-----G-----GTG-----CTC-A-----
BNL1	1d	-CT-GTG-----A-TR--GCAA-C-----G-----CT-----T---
BNL2	1d	-CT--TG-----TA-TG--GCAA-C-----C--TG-----CT---G--T---
FR2	1f	-CG--CGCT---ATCGATG--G-G--G-----G-----C--C--C--G--
HC-J6	2a	CC-GGCGC--T-A--CA-GGCT-A--GACG-----T--CA--G---GAT
HC-J8	2b	C--GGTGCG-T-A--TCGTAGC--G---ACA---G-----CA--A-C---AAT
S83	2c	CCTGGCGCT-T-A-T-A-GGC--G---GCA-----A-CA-C---GAT
NE92	2d	CCTGGTGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACG--T--T---ACCA-CA-T-C
BNL3	2e	CCTGGTGCT-T-A-C-A-GGA--G--GGCA-G---T---GCCG-C---GAT
FR4	2f	CCTGGTGCT-T-A-T-GAGGT--G--GGC-----T---ACCA-C---GAT
BNL4	2g	CC-GGCGC--T-A-T-G-GGCT-G--GACG-----T--CACCA-C---GAT
BNL5	2h	CCTGGCGCG-T-A-C-G-GGTT-G--GACG-----T--CACCA-C---T-C
BNL6	2i	CCTGGCGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACA--T--T--CA-CA-----C
NZL1	3a	-T-GG-GCAA-TA-TG-TTC-A-A--CA-----TG-G--C--AT-A--A--
HCV-TR	3b	CTTGGCG-GA--A-CG--TC-A-C---ACC--TG-G---A---G--A--
NE48	3c	-T-GGTGCGA--A-CG-ATC-A-C--CG-G---G-G-----G--G--
NE274	3d	-CTGGCGCGA--A-TG-ATC-A-C--CA---TG-G-----G--G--
NE145	3e	-CTGGTGCAA-GA--G-TTCCG-A--CG-A---G-G---T---A-----
NE125	3f	CCTGGCGCAGT-A-CG-ATCAA-C--CA-G--TG-G---T--A-G--G--
Z4	4a	CCGGGCGCT--GCTTGA-TC-T-C--G--A--TG-G--CT-AA-G--A--
Z1	4b	CC---CGCA--GTTAGA-TCCA-G--CA-G--TG-A--C---A-G--G--
GB358	4c	AT-GGCGCT--GCTTGAATCC--C--GA-----TG-G-----A-G--A--
DK13	4d	CTG--TGCT--GCTTGA-TCTT-GA-----G-G-----A-G--G--
GB809	4e	-T-GGTGCT--GCTCGA--CCT-G--G--C--TG-G--C---A-G--A--
BNL7	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA-----TG-G--CT--A-G--G--
BNL8	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCT--G--GA-----TG-G-----A-G--G--
BNL9	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCTT-G--GA-----TG-G-----A-G--G--
BNL10	4k	AC-GCGCG--GCTTGA-TCC--G--GA-----TG-G-----A-G--G--
BNL11	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA-----TG-G---G--A-G--G--
BNL12	4l	CTTTCGGCT--ACTT-T-TCCG-A--G--G--TG-G-----A-G--G--
BE95	5a	CT-GG-GCAGT-A--G-T-CT-----GA-AGC-G-T--CTAC--A-CG--
HK2	6a	-CTTCCACG-----A---GGAT-C--CA-G--TG-G-----T---CG--
FR1	7a	TCATC-G-G--AATCCACGG-T----C--A---G-A--C--C--C--T--
VN4	8a	-CGTCTACG--A-TC--CGG-T-C--CAAA--TG-G--CA-CA-G--G--
VN12	9a	-CGTCGG-GT--ATC-G-GGTG-C--CGAG---G-G--C--CT-G--G--
NE98	10a	CC-TGCGC-G--A-CG-CTCT--C--CACG---G-G---A--A-G--G--

17/74

Figure 1 - continued

	801	850
HCV-1	1a	GAGCGCCACCCTCTGTTTCGGCCCTCTACGTGGGGGACCTATGCGGGTCTG
HCV-J	1b	-GCG--TG-T-----C--TA-G-----T-----T--C-----A--C-
HC-G9	1c	-GC--TG-GT-----TA-G--T--A-----C--CA
BNL1	1d	-G-NN-----GT-----C--TA-G-----R-----T-----
BNL2	1d	--CA--G-GT-TC---C--TA-G-----C-----A--C-
FR2	1f	-GCA---GTGT---C--A--A-G--A-T-----T--T---GGC-
HC-J6	2a	-TC-----G-----C--C--T--T-----C-----TGGG-
HC-J8	2b	-GCA--T--GGC---C-----T-G--T-----A--TG-G-----G-C-
S83	2c	-TCT--T--GG-----T-----T--T-----G-G--T--CG-GC
NE92	2d	ATC---T--GT-T--C--T-----G--A-A--A-----G--T--CG-G-
BNL3	2e	-TC-----C--T-----G-----A--TG-G-----CG-A-
FR4	2f	-TC-----C--T-----A--A-A-----CG--
BNL4	2g	-GT--T--G-----T--A-----A-C-----G-G--T--CG-G-
BNL5	2h	-TCT--T--G---C--A--TT-G--T-----C--T-C-----CG-A-
BNL6	2i	-TC-----GT---C--T--T-G--T-----
NZL1	3a	CGCG-----GA-G--C--T--G-----T--TA-G--T---G---
HCV-TR	3b	CGCACGACAA--G-----G--G-----C-----GCT-T---G---
NE48	3c	T-CG--T--AT-G-----A--T-----C--T-----T-----G-A-
NE274	3d	AGCT--T--GT-G--C--C--G--G--T--T--C--TA-G--T--AG-C-
NE145	3e	C--T-----T--G--C--C--G-----T--C--T-----T-----G-C-
NE125	3f	TGCA-----G--G-----A--A-----T--T--A--TT-G-----G---
Z4	4a	CGCG-----TT-G-----T-----T--T-----C-----AGG--
Z1	4b	TGCG--T--TA-G-----C--T-----A-T--A--T--G--T--AGGC-
GB358	4c	TGC---T--TGCG--C--C--T--T--A-C--A-----G-----TGGC-
DK13	4d	CG-----T-----C--C-----A-C--A--G-G--T---GG--
GB809	4e	TGCT-----G-G--C--C-----C--C-----G-----TGGCT
BNL7	4k	-GC-----TG-T-----A-----T--A-C-----TT-R--T--YGGCT
BNL8	4k	-GCT-----TG-T--C--A-----T--A-C-----TT-G--T--CGGCT
BNL9	4k	-GCG-----TG-----A-----T--A-C-----TT-G--T--CGG--
BNL10	4k	AGCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----YT-G--T--CGGCT
BNL11	4k	-GCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----T--G-----TGGCT
BNL12	4l	TGCA--T-----A-CG--T-----T--A-----C-----GG--
BE95	5a	AG-G--TG-----C--C--GT-A-----A--A--GCG--T---G-AC
HK2	6a	CGC---AGTGG-T--C--AT---G---A-C-----G--T--C---C
FR1	7a	-GCA--GG-AT-T-----A-G--A-C--A-----C--T--TAGCA
VN4	8a	CGCT---G-GT-----A--TA-G--T-----G-----GGCC
VN12	9a	TGCT--TG-GT---C--T--A-G-----C--T-----TGGGC
NE98	10a	RGCG-----A--C--A--T-----A--A-----T--T--AG-GC

18/74

Figure 1 - continued

	851	900
HCV-1	1a	TCTTTCTTGTCGGCCAACTGTTTCACCTTCTCTCCCAGGCGCCACTGGACG
HCV-J	1b	-T-----C---TC---G-----A--TC-C--GT-TGA----
HC-G9	1c	----C-----T-----GA-C-----A---T-----
BNL1	1d	----C--C-CT-----G--A-----T--A---C-CATG---CAT--A
BNL2	1d	----C-----G--A-----T--A---C-CTTGT--CAT--A
FR2	1f	----C--C--T--G---T-----A-GT--C----G--T-----
HC-J6	2a	-GA-G----CA-C---GA-----TTG----G--ACA--A-----TTT
HC-J8	2b	-GA-GA--C-ATCG--GGCT---TGG-A--A--ACAA-----AACTTC
S83	2c	-GA-G--G-C--CT--GG-CG--GT-G-G--G--ACAA-A---TAC-TTT
NE92	2d	-GA-GT-G-CTTCT--G-C---T-A---G---CA--AT--TAA-TTT
BNL3	2e	-GA-GA-A-CT-CA--GGCT---T-G-GG-A--G-A-----T-ACTTC
FR4	2f	-GA-GA-A-CA-CG---G-TGC-GT-G---A--GCAATA--TACTTTT
BNL4	2g	-GA-GA-A-CT-CT--GG-TG---TTG----G--GCAA-AT--AACTTT
BNL5	2h	-GA-GT-G---TCT---T-T---TGA---C--TCA--A---ATCTTC
NZL1	3a	-----C--G--A---GCC-----G---AGA--TC-A-----TCAA---
HCV-TR	3b	-G-----G--A---GC-----AGA--TC-C-----AC---C
NE48	3c	-T--C--C--A--A---GCA-----A---AGA--C-A-----CA---A
NE274	3d	----CT-G--G--A--GGCT-----AGA--TC-T-AG---AAC---
NE145	3e	----C-----G--G--GGCC--T--A---AGG--TC-T--T--TAC---T
NE125	3f	-T--C-----G-----GC-----T---AGAG-TC---AA--T-AT--C
Z4	4a	C---C--GA-G--G--GA--A---T--TCGG--GC-T-----C
Z1	4b	----C--A--G-----G-----GA---CGA--GC-C--G-----C
GB358	4c	-A---T-G--T--T--GA-----T-T---CAG--GC-----T
DK13	4d	-G--CT-G-----T-----CAA--TC-C-----C
GB809	4e	-A--CT-G--A-----A-----CAA--GC-A-----
BNL7	4k	-G--C--A-----T--GA-----T-T---CGA--A-----T
BNL8	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----TT-T---CGA--AC-A-----T
BNL9	4k	CG--CT-G--T--T--GA-----T-T---CGA--AC-----C
BNL10	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----T-T--YCAG--TC-----T
BNL11	4k	-G--C--G--T--T--GA-----T-T---CGA--AC-----T
BNL12	4l	C---C--A--G--G--GA-----CAG--GC-T-----T
BE95	5a	-A--CT-G--A-----A-----ATAGG--TC-C-AG---GCT---
HK2	6a	-----T-G-CG--A-----A-----TCAG---C-C--T--T-----T
FR1	7a	-AA-CT-G--A--G--G--T--T--T---AGG--T-A-TA---TCA-GTT
VN4	8a	-T--C--C--T--A--G--C-----GC--AGG--TC--ATG--TCA-GTT
VN12	9a	-----C--T--G--GT-----G---AGA-----ATGT-TGA--TC
NE98	10a	-A-----Y--G--GGG---T-A-GGAGA-ATC-C-AG--T-----T

19/74

Figure 1 - continued

	901	950
HCV-1	1a	ACGCAAGGTTGCAATTGCTCTATCTATCCCGGCCATATAACGGGTCACCG
HCV-J	1b	GTA----A-----A-----CG--T-A-----
HC-G9	1c	-----AC-----C-----C--A-----G-G--A-----T--
BNL1	1d	-----G-AG-----C-----A---
BNL2	1d	--A--G-AG-----C-----A---
FR2	1f	GT--G-AC--T-----T--C--T--CT-T-----C-----C-----
HC-J6	2a	GT-----AC-----C-----C--T--TACC--C--T--A-----
HC-J8	2b	--C-----AG-----C--T--C-----C-AA--T--C--C--C--T--
S83	2c	GTC--G-AA-----C--T--C--A--C--G-----GC--T-----A-----
NE92	2d	GTC--G-AC-----C--T--C--A--C--A-----C--C--T--A--T--
BNL3	2e	GTC--G-AA-----C--A--C--A-----C--T--A-----T--
FR4	2f	GTC--G-AA-----C-----C--A--C--A-----C--A--A--T--
BNL4	2g	T-C--G-A-----T--C---
BNL5	2h	GTC--G-A-----C-----G--A
NZL1	3a	GTC--GACC--T--C-----GC-G--C--A-----C--TT-A--A--T--
HCV-TR	3b	GT--GACG-----C-----G--A--C--A-----G--TT-A--A--T--
NE48	3c	GTT--GCA-----C-----AC-G--C--A--T--G--TT-A-----T--
NE274	3d	GT--GACC-----AC-G--C--T--T--C--T--A--A--A--
NE145	3e	GTC--GACC-----C-----GT-G--C--A-----C--A--A--T--
NE125	3f	GTC--GTTG-----AC-A--C--A--A--C--T--A--A--T--A
Z4	4a	-----G-AG-----T--C-----CA-T-----C--C--C--A--
Z1	4b	--C--G-A-----C-----C-----T--T--CG-CT-----C--A--
GB358	4c	-----G-AC-----T--C-----CG-G--G--CG-T-----C--A--
DK13	4d	--C-----AC-----T--C-----CA-A--A-----C--A--A--A--
GB809	4e	--C--G-AC--T-----T--C-----CG-A--G-----T-----C--T--
BNL7	4k	--T-----A-----T--C---
BNL8	4k	G-C--G-A-----T-----
BNL9	4k	--C-----A-----C-----C---
BNL10	4k	--C--G-A-----T--C---
BNL11	4k	--C--G-AA-----T--C---
BNL12	4l	GTC----AC-----C--T--C---
BE95	5a	GT---GAAC-----C--T--C--T--CAGT-----G-T--C--C-----
HK2	6a	GT-----AC-----C-----C-----A-A-----CG-C--C--C--A--
FR1	7a	--C--G-A--T--C-----NA-CN-T-----CG-C-----A--A--
VN4	8a	GTC--G-AG--T--C--T--C-----CA-A--G-----C--T--A-----
VN12	9a	G-C--G-AC-----C--T--C-----G-A-----C--C--T--G-----
NE98	10a	GTC--G-AC-----C--T--C---

20/74

Figure 1 -continued

	951	957
HCV-1	1a	CATGGCA
HCV-J	1b	-----T
HC-G9	1c	A-----T
FR2	1f	NNNNNNN
HC-J6	2a	-----G
HC-J8	2b	-----
S83	2c	-----T
NE92	2d	G-----G
BNL3	2e	-----G
FR4	2f	A----NN
NZL1	3a	A-----T
HCV-TR	3b	T-----G
NE48	3c	G-----T
NE274	3d	G-----T
NE145	3e	-----
NE125	3f	T-----T
Z4	4a	G-----G
Z1	4b	G-----C
GB358	4c	G-----
DK13	4d	A-----T
GB809	4e	G-----T
BE95	5a	G-----
HK2	6a	G-----T
FR1	7a	G-----
VN4	8a	A-----
VN12	9a	G-----G

21/74

Figure 2

		1		50
HCV1	1a	MSTNPKPQKKNKRNTRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR		
HCV-J	1b	-----R-T-----		
BNL1	1d	-----R-T-----XXXXX-----X-----		
BNL2	1d	-----R-T-----X-----		
CAM1078	1e	-----R-T-----V-----A-----		
FR2	1f	-----R-T-----		
HCJ6	2a	-----R-T-----		
HCJ8	2b	-----R-T-----		
CH610	2c	-----R-T-----		
NE92	2d	-----R-T-----		
BNL3	2e	-----R-T-----		
FR4	2f	-----R-T-----P-----		
HCVTR	3b	---L---RQT---L---N-----V-----V-----		
DK13	4d	-----R-T-----M-----		
CAM600	4e	-----R-T-----M-----		
GB809	4e	-----L-R-T-----M-----		
BNL7	4k	-----R-T-----M-----		
BE95	5a	-----R-T-----V-----M-----		
HK2	6a	---L---R-T-----T-----		
FR1	7a	---L---R-T-----M-----		
VN4	8a	---L---R-T---I-----		
VN13	8b	---L---R-T-----		
VN12	9a	---L---R-T-----M-----		
NE98	10a	---L---R-T---X-----V-----Q-----V-----		

22/74

Figure 2 - continued

		51		100
HCV1	1a	KTSE	SQPRGRROPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSP	
HCV-J	1b	-----	-----M-----	
BNL1	1d	-----	-----X-X--S-----X-----	
BNL2	1d	-----	-----D-----QSD-XX-----H-----	
CAM1078	1e	-----	-----E-----	
FR2	1f	-----	-----S-----A-----	
HCVJ6	2a	-----	-----D--ST-KS-GK-----L-----	
HCVJ8	2b	-----	-----D--ST-KS-GK-----	
CH610	2c	-----	-----D--TT-KS-GR-----L-----	
NE92	2d	-----	-----D--T-KS-GK-----L-----	
BNL3	2e	-----	-----D-XAT--S-GR-----L-----	
FR4	2f	-----	-----D--AT-KS-GR-----L-----	
HCVTR	3b	-----	-----KQ-HL-----SR--S-----K--L-----	
DK13	4d	-----	-----QL--S-----	
CAM600	4e	-----	-----T--S-----	
GB809	4e	-----	-----S--S-----	
BNL7	4k	-----	-----S--S-----X-----	
BE95	5a	-----	-----Q-T--S-G-----A--L-----	
HK2	6a	-----	-----Q-Q--H-----	
FR1	7a	-----	-----V-Q-T--S-G-----	
VN4	8a	-----	-----V-HQT-----	
VN13	8b	-----	-----V-HQT-----	
VN12	9a	-----	-----A-----V-QNQ-----	
NE98	10a	-----	-----S-----R--T--S-----	

23/74

Figure 2 - continued

		101		150
HCV1	1a	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAARA		
HCV-J	1b	-----		
BNL1	1d	-----N---		
BNL2	1d	-----		
FR2	1f	-----N-----S-T		
HC-J6	2a	-----N--H---V-----V-----V---		
HC-J8	2b	-----T-----H-----R---I-----V---V---V---		
CH610	2c	-----H-----V-----V---V---		
NE92	2d	-----H-----V---V---V---		
BNL3	2e	-----XX-----X-V---V---X---		
FR4	2f	-----N--H-----X-----V---V---V---		
HCV-TR	3b	-----N-----F-----V---V---		
GB116	4c	-----V---V---		
DK13	4d	-----N-----V---V---V---		
CAM600	4e	-X--X--N--X-----V---V---		
GB809	4e	-----N-----V---V---		
G22	4f	-----V---V---		
GB549	4g	-----V---V---		
GB438	4h	-----V---V---		
BNL7	4k	-----N-----		
BE95	5a	-----N--N---K-----G-I--V---		
HK2	6a	-----H--N-----V-----V-A-		
FR1	7a	-----N--N-----XXL-----VL-G---V-A-		
VN4	8a	-----N--N-----V---X--V-X-		
VN13	8b	X---N--N--X-----XX---IE--		
VN12	9a	-----D-X-N--X-----E--V-----V-AE		
NE98	10a	-----N-----		

24/74

Figure 2 - continued

		151		200
HCV1	1a	LAHGVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL		
HCV-J	1b	-----I-----E---VS-I		
BNL1	1d	-----XT-HE---AS-V		
BNL2	1d	-----F-----TT-HE---AS-V		
FR2	1f	-X-----XG--XXXXX--X--XX--X-----T---E-HST-DG		
HC-J6	2a	-----F-----I-T-V--AE-K-ISTG		
HC-J8	2b	-----I-----V--V--VE---ISSS		
CH610	2c	-----I-----S-----IS--V--VE-K-TSTS		
NE92	2d	-----I-----I--V-GL--K-TSSS		
BNL3	2e	--X-----I--X-----X-----V--V-XVE-K-TSQA		
FR4	2f	-----I-----I--V--I--K-NSHF		
BNL4	2g	-----V--V--V--K-TSTM		
BNL5	2h	--I-----V--K-TSHS		
BNL6	2i	--I-----I--V--V--A-RS-S		
HCV-TR	3b	-----A-G-----F---C---GLEYT-TS--		
GB116	4c	-E---AV---I-----S-----T--VNY--AS-V		
DK13	4d	-----L-----NY---S-V		
CAM600	4e	-----AV---I-----T--VNY--AS-I		
GB809	4e	-----AV---I-----GVNY--AS-V		
G22	4f	-----AV---I-----VHYH-TS-I		
GB549	4g	-----AV---I-----QHY--IS-I		
GB438	4h	-----AV---I-----V--R-----QHY--AS-I		
BNL7	4k	--I-F-----IN--VS-I		
BNL8	4k	--I-----IN--TS-I		
BNL9	4k	--I-----IN--TS-I		
BNL9	4k	--I-----I--X--X-----TNY--VS-I		
BNL10	4k	--I-----X-----TNY--VS-I		
BNL11	4l	--I-----I-----QHY--VS-I		
BE95	5a	-----I-----VPY--AS-I		
HK2	6a	-----AI---I-----T---LTYG--S--		
FR1	7a	-----AI-----T---I--K-AS-I		
VN4	8a	-----XXI--X-----X--XX-X--X-----T---AHYT-KS--		
VN12	9a	-X---AI---I-----X-----T---LNYA-KS--		
NE98	10a	--I-F-----F---LT-TAGLEY--AS--		

Figure 2 - continued

		201		250
HCV-1	1a	YHVTNDCPNSSIVYEAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD		
HCV-J	1b	-----S-----M-M-----S-F-----L---L-A-N		
BNL1	1d	-----S---I---MDGM-M-Y-----D-HL---M-L---L-VKX		
BNL2	1d	--L---S---I---MSGM---A-----N-S---MXL---L-VK-		
FR2	1f	-----S-G-----K-I-----X---I---I---PL---L-A-I		
HC-J6	2a	-M-----T-D--TWQLQA-V--V-----EKV--T----IPVS-N--VQQ		
HC-J8	2b	-YA---S-N--TWQLT--V--L-----ENDNGTLH--IQV--N--VKH		
CH610	2c	-M-----S-----WQLEG-V-----EQI-----PVS-N--I-Q		
NE92	2d	-M-----Q-----WQLR--V--V-----EEK--I---IPVS-NI-VSQ		
BNL3	2e	-MA---S-N--WQLX--V--V-----ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK		
FR4	2f	-MA---A-D--WQLR--V--V-----E-S--RTF--T-VS-N--VSR		
BNL4	2g	-MA---S-N--IWQMQG-V--V-----ELQ--K---IPV--N--VNO		
BNL5	2h	-M-----S-----WQLK--V--V-----E-HQ-Q---IPV--N--VSO		
BNL6	2i	-M-----S-----WQLEE-V--V-----EWKD-T---IPV--NI-VSQ		
HCVTR	3b	-VL---S-G-----E-V---L-----TT--Q-S--TTVST---V-T		
GB116	4c	--I-----DYH---L---L---V--Q-----L-----APY		
DK13	4d	-----TDYH---L-----K-T---SL-----AQH		
CAM600	4e	--I---A---TENH---L-----T--Q-----L-----SPY		
GB809	4e	--I---A---TDNH---L-----KT--Q-----L-----SPY		
G22	4f	--L-----F--VHH---L-----T--Q-----L---L-APY		
GB549	4g	-----DHH-M-L-----T--T-----PL-----APY		
GB438	4h	-----DHH-M-L-----T--V-----IPL-----VPY		
BNL7	4k	-Y-----DHH---L-----Q-----L-----APY		
BNL8	4k	-----DHH---L-----T--Q-----L-----APY		
BNL9	4k	--I-----DHH---L-----V--Q-S---L---I-APY		
BNL9	4k	-----DHH--AL-----V--Q-----L-----APY		
BNL10	4k	-----F--DHH---L-----K--H-----L-----APY		
BNL11	4l	-----SDHH---L-----KT--T-----L-----API		
GB724	4x	--I-----V---TDHH---L-----T--V---TPV-----AVS		
BE95	5a	-----DNL---A-----MT--V-----QI---LSAPS		
HK2	6a	--L-----L--DAM---L---L---VDDR-T--H-V---L-IPN		
FR1	7a	--L---S-N---F--ETM---L-----IKA--E---LPVS--L-VPN		
VN4	8a	--L-----ETL---L-----KXX-Q-----QAS--L-VPN		
VN12	9a	--L-----NGM---L-----KT--LTK--LSAS--L-VQN		
NE98	10a	-M-----S-G-----G-I---L-----S--T---IPVSX---VKS		

26/74

Figure 2 - continued

		251	300
HCV-1	1a	GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLGSGVFLVGQLFTFSPRRHWT	
HCV-J	1b	SSI-T-TI---V-----A-A---M-----S-----YE-	
BNL1	1d	ASV-TXAI---V-----XX-F---M--X-----A-----M-H-	
BNL2	1d	ANV-TAAI---V-----T-AFR-M-----LYH-	
FR2	1f	ANA-IDEV---V-----A-VF---M-I-----G-----TS----	
HC-J6	2a	PGALTQG--T--MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F	
HC-J8	2b	RGALTRS--T-V-MI-MA--A-----V--A-MILS-A-MV--Q--NF	
CH610	2c	PGTLTKG--A-V-VI-M-----V--ALMIAA-AVIA--Q--TF	
NE92	2d	PGALTKG--T---TIIA---F-----I-----A-M-AS-V-II--QH-KF	
BNL3	2e	PGALTKG--AR--AV-M-----V--A-MIAA-A-IVA-K--YF	
FR4	2f	PGALTRG--A---TI-M-----I-----A-MIAA-VAVV--QY-TF	
BNL4	2g	PGALTRG--T---TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF	
BNL5	2h	PGALTRG--T---TI-A---V-----F--A-M--S-F-MI--QH-IF	
BNL6	2i	PGAXTKG--T---II-A---F-----	
HCVTR	3b	LGVTTASI-T-V-M---ARQ-----AF-A-----A---R---T-	
GB116	4c	VGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----G-----M-S-Q-----	
DK13	4d	LNA-LES---V--M--G-----I--V--G-----Q-----	
CAM600	4e	AGA-LEP---V--M--A--M-----I-----GL-----M--Q-----	
GB809	4e	VGA-LEP---V--M--A--V-----GL-----M--Q-----	
G22	4f	LGA-LESM--V--M--T-----GI--A--M--R--L---	
GB549	4g	VGA-LESM--V--M--A--V-----I-----G-----M--R-----	
GB438	4h	LGA-L-SV-Q-V--M--A-----I--H--G--A--MVS-Q-----	
BNL7	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I--X-XGL-----M-S-R-----	
BNL8	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
BNL9	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GA-----M-S-R-----	
BNL9	4k	TAA-LES--S-V--M--A--V-----I-X---GL-----M-SXQ-----	
BNL10	4k	IGA-LES--S-V-VM--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
BNL11	4l	LSA-LMSV---V--M--A--S-----GA-----M--Q-----	
GB724	4x	VDA-LESF---V--M--A---V-----GA-----M--Q-----	
BE95	5a	LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A-	
HK2	6a	AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----	
FR1	7a	SSV-IHGF---V-----A-AF---M-I-----II-----R-KY-QV	
VN4	8a	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-----GL-----LR--M-QV	
VN12	9a	ASVSIRGV-E-V-----A-AF---M-----GL-----R--MYEI	
NE98	10a	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q---	

27/74

Figure 2 - continued

		301	319
HCV-1	1a	TQGCNCSIYPGHITGHRMA	
HCV-J	1b	V-D-----VS-----	
BNL1	1d	--E-----	
BNL2	1d	--E-----	
FR2	1f	V-D-----S-----XXX	
HC-J6	2a	V-D-----T-----	
HC-J8	2b	--E-----Q-----	
CH610	2c	V-E-----X	
NE92	2d	V-D-----	
BNL3	2e	V-E-----	
FR4	2f	V-E-----X	
BNL4	2g	S-D-----	
BNL5	2h	V-D-----	
HCVTR	3b	V-T-----VS-----	
GB116	4c	--D-----A--V-----	
DK13	4d	--D-----T-----	
CAM600	4e	--D-----T-----	
GB809	4e	--D-----A-----	
G22	4f	--E-----T-----	
GB549	4g	--D-----D-----	
GB438	4h	--D-----V-----	
BNL7	4k	--D-----	
BNL8	4k	A-D-----	
BNL9	4k	--D-----	
BNL9	4k	--D-----	
BNL10	4k	--E-----	
BNL11	4l	V-D-----	
GB724	4x	--D-----T-----	
BE95	5a	V-N-----S--V-----	
HK2	6a	V-D-----T--V-----	
FR1	7a	--D-----XNX--V-----	
VN4	8a	V-E-----T-----	
VN12	9a	A-D-----A-----	
NE98	10a	V-D-----	

28/74

Figure 3

SEQ ID NO. 1 (BNL1, 1d)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCTCAKGGSGTN
NNNNNNCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGGCCCCAGGNNG
GGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGGTCACAACCTCGTGGCAGGCGACAGCCTATCCCC
AAGGCTCGYCCGYCCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCCGGGTATCCTTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCGGGNTGGCTCCTGTCCCCCGCGGCTCTCGGCCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 3 (BNL1, 1d)

GACGGCGTGAACATATGCAACAGGGAACTTGCCCCGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTGGCTTTG
CTGTCCTGCTTGACGGTTCCAACKACCGCTCACGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTGTATCATGTC
ACCAACGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGGACGGTATGATCATGCACTACCCAGGG
TGCGTGCCCTGCGTTTCGGGAGGATAACCATCTCCGCTGCTGGATGGCGCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAAAYGCTAGTGTCCCCACTRCGGCAATCCGACGTCACGTCGACTTGCTTGTTGGGGGNNCC
ACGTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGGRGACCTTTGCGGGTCTGTCTTCCTCGCTGGCCAGCTATTC
ACCTTTTCACCCCGCATGCACCATAACAACGCAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 5 (BNL2, 1d)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGNTCCCGGGTGGTGCTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGAGCCTCGTGACAGGCGACAGCCTATTCTC
AAGGCTCGCCAGTCCGATGGCAGNNCCTGGGCTCAGCCAGGGCATCCCTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGCGGCTCTCGGCCAGTTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 7 (BNL2, 1d)

GACGGCGTGAACATATGCAACAGGGAAATTTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTAGCTTTT
CTGTCCTGCTTGACGGTTCCAACCTACCGCTCATGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTATATCATCTC
ACCAATGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGAGTGGTATGATCTTGACGCCCCAGGG
TGTGTGCCCTGCGTTTCGGGAGAACAACCTCTTCTCGTTGCTGGATGCCRCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAGACGCTAATGTCCCTACTGCGGCAATCCGACGCCATGTGCACTTGCTGGTTGGGACAGCC
GCGTTTCGTTCCGCTATGTACGTGGGGGACCTCTGCGGATCCGTCTTCCTTGTCGGCCAGCTATTC
ACCTTTTCACCCCGCTTGTAACATAACAACAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 9 (CAM1078, 1e)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGGGCCCTAGATTG
GGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAGGCGCCAACCTATTCCC
AAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 11 (FR2, 1f)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGCAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTT
AAATTCCCGGGTGGGGGGCAGATCGTGGGTGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCCGAGCGGTTCGCAACCTCGCGGAAGGC
GACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGACCCGAGGGCAGGTCTTGGGCTCAGCCTGGGTACC
CATGGCCCCCTCTATGCTAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCTCGCG
GCTCCCGTCTTAGCTGGGGCCCCAATGACCCCCGACGTAGATCACGCAATTGGGTAAGG
TCATCGATACCCTAACGTGTGGCTTCGCCGATCTCATGGGGTACATTCCGCTCGTCGGCGC
CCCCCTAGGGGGCGCTTCCAGAACCCTGNCACATGGTGTCCGGGTCTTGGNAGGCGGCGTGATNNN
NNNNNNNNNNAACCTTCCNGGTGCTCTTTNNCTATCTTCTCTTGGCNTTACTCTCTTGCCCTCAC
AGTCCCCACCTCTGCCTATGAGGTGCACAGCACAACCGATGGCTACCATGTCTACTAATGACTGTTC
CAACGGCAGCATCGTATATGAGGCAAAGGACATCATCCTTCACACGCTGGGTGNGTGCCCTGCAT
ACGGGAAGGCAATATCTCCCGTTGCTGGGTACCGCTCACCCCCACGCTCGCAGCGCGGATCGCGAA
CGCTCCCATCGATGAGGTGCGGCGTCACGTCCACCTCCTCGTGGGGGACGCCGTGTTCTGCTCAGC
CATGTACATTGGGGACCTTTGTGGGGGCGTCTTCTCGTTGGGCAATTGTTACCTTCACGTCCCG
GCGGCATTGGACGGTGCAGGACTGTAATTGTTCCATTTACTCTGGCCACATAACGGGCCACCGNNN
NNNN

SEQ ID NO. 13 (BNL3, 2e)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAATACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGATTG
GGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGNGNGCCACTGGCAGGTCTTGGGGACGTCCAGGATATCCCTGGCCCTGTATGGGAAC
GAGGGGCTCGGCTGGGCAGGATGGCTCCTGTCCCCCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 15 (BNL3, 2e)

ACGTGCGGNTNTGCCGACCTCATGGGGTACATNCCCCTTGTCGGCGCCCCGGTGGGCGGGGTNGC
CAGGGCCCTCGCGNATGGCGTGGGGTCTTGGAGGACGGGATAAATTATGNAACAGGGAACCTCCC
TGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTNGTTGGCTCTTCTGTCTTGTGTACCGTGCCTGTCTCTGNCGT
TGAGGTCAAAAATACCAGTCAGGCCTATATGGCAACCAACGACTGCTCCAACAACAGCATCGTATG
GCAATTGGNGGACGCGGTGCTTCATGTTCTTGGATGTGTCCCCTGCGAGAATAGCTCCGGTTCGGTT
CCACTGTTGGATCCCGATCTCGCCCAACATAGCCGTGAGCAAACCTGGTGCTCTCACCAAGGGACT
GCGGGCACGCATTGATGCCGTCGTGATGTCCGCCACCCTCTGCTCTGCCCTGTACGTGGGAGATGT
GTGCGGCGCAGTGATGATAGCTGCACAGGCTTTCATCGTGGCACCGAAGCGCCATTACTTTCGTCCA
GGAATGCAATTGCTCCATATACCCAGGCCACATTACAGGTCATCGCATGGCG

SEQ ID NO. 17 (FR4, 2f)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAACTAAAAGAAACACTAACCGTCGCCCACAGGAC
GTTAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAG
GTTGGGTGTGCGCGCGCCAAGGAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCC
ATCCCAAAAGATCGGCGCGCCACTGGCAAGTCTTGGGGACGTCCAGGATACCCTTGGCCCCCTGT
ACGGGAACGAGGGCCTCGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCGGGGCTCTCGCCCCCTCGTG
GGGCCCCAACGACCCCCGGCACAGGTCACGCAACTTGGGTAAAGGTACGATACCCTCACGTG
TGGCTTTGSCGACCTCATGGGGTACATACCTGTCTGCGCGCCCCCTGTGGGCGGCGTTGCCAGA
GCCCTCGCGCATGGCGTGGGGTCTTGGAGGACGGGATAAATTATGCAACAGGGAACCTTGCCCGGT
TGCTCCTTTTCTATCTTCTTGCTGGCTCTCTTGTCTTGTATCACCGTGCCCGTGTCTGCCATACAG
GTTAAGAACAACAGCCACTTCTACATGGCGACTAATGACTGTGCCAATGACAGCATCGTCTGGCAG
CTCAGGGACGCGGTGCTCCATGTTCTTGGATGTGTCCCTGTGAGAGGTGAGGTAATAGGACCTTC
TGTTGGACAGCGGTCTCGCCCAACGTGGCTGTGAGCCGACCTGGTGCTCTCACTAGAGGTCTGCGG
GCTCACATTGATACCATCGTGATGCCGCCACCCTCTGCTCTGCCCTATACATAGGGGACCTATGC
GGCGCTGTGATGATAGCAGCGCAAGTTGCCGTCGTCTACCGCAATACCATACTTTTGTCCAGGAA
TGCAACTGCTCCATATACCCAGGCCATATCACAGGACATCGAATGGNN

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 19 (BNL4, 2g)

GACGGGGTAAATTATGCAACAGGGAATCTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTTGTGGCTCTT
CTGTCTTGTGTACCGTGCCTGTCTCTGCCGTGCAGGTTAAGAACACCAGTACCATGTACATGGCA
ACCAATGACTGTTCCAACAACAGCATCATCTGGCAAATGCAGGGCGCGGTGCTTCATGTTCCCTGGA
TGTGTCCCGTGTGAGTTGCAGGGCAATAAGTCCCGGTGCTGGATACCGGTCACTCCCAACGTGGCT
GTGAACCAGCCCGGCGCCCTCACTAGGGGGCTTGC GGACGCACATTGACACCATCGTGATGGTCGCT
ACGCTCTGTTCTGCACTCTACATCGGGGACGTGTGTGGCGCGGTGATGATAGCTGCTCAGGTTGTC
ATTGTCTCGCCGCAACATCACAACTTTTCCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 21 (BNL5, 2h)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACTAACC GCCGCCACAGGACGTT
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGCCGCGCAGGGGCCCCCGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAAACTTCCGAACGGTCCCAGCCACGTGGGAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGCGCTCCACTGGCAAATCCTG GGGACGTCCAGGATACCCTTGCCCCCTGTATGGGAAC
GAGGGCCTTGTTGGGCAGGATGGCTCTTGTCCCCCTCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 23 (BNL5, 2h)

GACGGGATAAACTACGCAACAGGGAATCTGCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTGCTGGCCTTG
CTATCCTGTCTCACTGTGCCGGCTCCGCTGTGCAGGTCAAGAACACCAGCCACTCTTATATGGTG
ACCAATGATTGCTCAAACAGCAGCATTTGTCTGGCAGCTTAAGGATGCTGTGCTTCACGTCCCTGGA
TGTGTTCCATGTGAGAGGCACCAAATCAGTCTCGCTGCTGGATACCTGTGACACCCAATGTGGCC
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTCACCAGGGGTTTGC GGACGCACATTGACACCATCGTTGCGTCTGCT
ACCGTCTGCTCAGCTTTGTATGTGGGCGACTTCTGCGGCGCAGTGATGTTGGTCTCTCAATTTTTC
ATGATCTCCCCTCAGCACCATCTTCGTCCAGGATTGCAACTGCTCGATA

SEQ ID NO. 25 (BNL6, 2i)

GACGGGATAAACTATGCAACAGGGAACCTGCCTGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTACTGGCCCTG
CTTTCTTGTCATACCGTGC CGGTCTCTGCCGTGCAAGTTGCGAACCGCAGTGGTTCTTACATGGTG
ACCAATGATTGCTCGAACAGCAGCATCGTTTGGCAGCTCGAGGAGGCCGTCCTTCACGTCCCTGGA
TGTGTTCCCTGTGAGTGGAAGGACAACACCTCCCGCTGCTGGATACCGGTCACCCCTAACATCGCT
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTTACCAAGGGCCTGCGGACACATATTGACATCATTTGTCGCGTCCGCC
ACGTTCTGCTCTGCCTTGATGTGGG

SEQ ID NO. 27 (BNL7, 4k)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCATGGACGTT
AAGTTCCCGGGTGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACTCGGAAGACTTCGGAGCGGTCGCAACCTCGTGGGAGACGCCAACCTATCCCC
AAGGCGCGTCGATCCGAGGGAAGGTCCTGGGCACAGCCAGGATATCCATGGCCTCTTTACGGTAAT
GAGGGTTGCGGGTGGGCANNATGGCTCTTGTCCCCCGCGGTTCTC

SEQ ID NO. 29 (BNL7, 4k)

GACGGGATCAATTTTGCAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATCAACTATCGCAATGTCTCGGGCATTTACTATGTC
ACCAATGATTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGACCTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGAGGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTAGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGACTTGATGGTGGGGGCCGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTTGTGGYGGCTTGTTCCTAGTCGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCAAGGCGCCACTGGACTACTCAAGATTGCAATTGTTCCATC

31/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO 31 (BNL8, 4k)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTTCCCGGTTGCTCTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTACCACGTC
ACCAATGACTGCCCGAAGTTCGAGCATAGTTTATGAGGCCGACCACCACATCTTGACCTTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAACTGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTGGCCCTTACTCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGCTTGTTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGACGCCACTGGACTGCCAGGATTGCAATTGTTCTATC

SEQ ID NO. 33 (BNL9, 4k)

GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAATCTTCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCCATTAACTACCAACAACACCTCGGGCATCTATCATATC
ACCAACGACTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGATCTCCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGTGGGGAATCAGTCGAGTTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCATCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCGGCC
ACTGTCTGTTTACGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGTGCGTTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGGCGCCACTGGACCACCAAGATTGCAACTGCTCCATC

SEQ ID NO. 35 (BNL10, 4k)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAATATTCCCGGTTGCTCYTTTTCTATCTTCCTTYTGGCACTT
CTCTCGTGTCTGACTGTCCCGCTTCGGCCACTAACTATCGCAACGTCTCGGGCATCTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTAGCACTTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGTGGGGAACAGTCACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACACCGCGCGCCGCTTGAGTCCCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGAGCTGCC
ACTGTTTGTTTACGCCCTTTACATCGGGGAYTTGTGTGGCGGCTTGTTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTYCAGCCTCGGCGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 37 (BNL11, 4k)

GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAAYCTCCCGGTTGCTCTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCCACCAACTACCGCAATGTCTCGGGCATTTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTGTTGAGGCCGACCATCACATCTTGACCTTCCAGGA
TGCGTGCCCTGCGTGAAAGAGGGAAATCATTACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGATGTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGTTTACGCCCTTTACATCGGGGATCTGTGCGGTGGCTTGTTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGGCGCCACTGGACTACCCAGGAATGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 39 (BNL12, 41)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCATCCTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGGCTTCGGCTCAGCATTATCGGAATGTCTCGGGCATTTACCACGTC
ACCAACGACTGCCCGAAGTTCAGCATAGTGTATGAGTCCGACCATCACATCTTACACCTACCAGGG
TGTGTACCCTGTGTGAAGACTGGGAACACTTCGCGCTGCTGGGTGGCCCTTAACACCTACCGTGGCC
GCGCCATACATTTCCGCTCCACTTATGTCCGTACGGCGGCATGTGGATCTGATGGTGGGTGCAGCT
ACCTATCGTCTGCCCTCTACGTTGGAGACCTCTGCGGGGGTGCCTTCTAGTGGGGCAGATGTTT
ACCTTCCAGCCGCGTCGCCACTGGACTGTCCAAGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 45 (VN13, 7a)

ATGAGCACACTTCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGAAACACCAACCGTCGCCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCTCGTTTG
GGTGTGCGCGCAGAGGAAACCTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGGGGTAGACGCCAACCTATACCG
AAGGTGCGTCACCAAACGGGCGGTACCTGGGCTCAACCCGGGTACCCCTGGCCTCTTTATGGGAAT
GAGGGTTGTGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCNCGGCTCTCGCCCTAATTGGGGGCCCTAAT
GACCCCCGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAGGTCATCGATACCCTTACTTGNGGSTTCGCCGAC
CTCATAGAGTACATTCC

32/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 43 (VN4, 7c)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCATCCGCCGCCACACA
GGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGCTGCCGCGCAG
GGGCCCGCGCTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGAGG
TAGGCGCCAAACCAATACCCAAAGTGCGCCACCAAACGGGCGGTACCTGGGCCCAGCCCCG
GTACCCCTGGCCTCTTTATGGAAATGAGGGCTGTGGTTGGGCAGGCTGGCTCCTGTCCCC
CCGCGGCTCTCGCCCAAATTGGGGCCCAAACGACCCCCGGCGGAGGTCCCGCAACTTGGG
TAAAGTCATCGACACCCTTACTTGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGGTATATCCCTGTCTGTAG
GCGCTCCGWTGGGAGGCGTTCGCGGNGGCCTTGGCGCATGGGGTCANGGNCATCGAGGACGGNGTAA
ATTACGCAACAGNGAATCTTCCCGGNGCTCTNTCTCTATCTTNTCTTGGCACTTCTCTCGTGCC
TTACAACACAGCCTCCGCGGCGCATTATACCAACAAGTCTGGCCTGTACCATCTCACCAACGACT
GCCCCAACAGCAGCATCGTTTATGAGGCGGAGACACTGATTTTGCATTGCTGGGTGTGTACCTT
GTGTGAAGRTGRACAATCAATCCCGGTGCTGGGTGCAGGCCTCCCCGACCTGGCAGTGCCGAACG
CGTCTACGCCAGTCACCGGGTTCCGCAAACATGTGGACATCATGGTGGGCGCTGCCGCGTTCTGTT
CAGCTATGTATGTGGGGGACCTGTGCGGGGGCCTTTTCTCGTTGGACAGCTCTTCACGCTCAGGC
CTCGGATGCATCAGGTTGTCCAGGAGTGTAACTGTTCCATCTACACAGGGCATATCACTGGACACC
GAATGGCA

SEQ ID NO. 47 (VN12, 7d)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAGAAACACAAACCGTCGCCCAATGGATGTC
AAGTTCCCGGGCGGCGGTTCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGTTACCGCGCAGGGGGCCACGTTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCGGAACGGTCCCAGGCCAGAGGTAGGCGCCAACCAATACCC
AAGGTGCGCCAGAACCAAGGCCGAACCTGGGCTCAGCCTGGGTACCCCTGGCCCCCTTTATGGGAAC
GAGGGCTGCGGCTGGGCGGGGTGGCTCTTGTCCCCCGTGGCTCTCGCCCGGACTGGGGNCCCAAT
GACCCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAAGTTCATCG
ACACCCTCACTTGCGGCTTCGCCGACCTCATGGAGTACATCCCTGTCTGTTGGCGCCCCCCT
TGGAGGCGTTGCGGCGGAACTGGNACATGGTGTGAGGGCCATCGAGGACGGGATAAACTATGCAAC
AGGGAATCTTCTGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCWCTTGGCACTTCTCTCGTGCCTCACCACGCC
TGCTTCCGCACTAAACTATGCTAACAAGTCTGGGCTGTATCATCTAACCAATGACTGCCCAATAG
CAGCATTGTGTATGAGGCGAATGGCATGATCCTGCATCTCCCGGGTTGCGTCCCCTGCGTGAAGAC
CGGCAACCTGACCAAGTGTGGCTGTGCGCCTCCCCGACATTGGCGGTGCAGAATGCGTGGTGTGTC
CATCAGGGGTGTCCGCGAGCACGTGGACCTCTTGGTGGGTGCTGCTGCGTTCTGCTCTGCCATGTA
CGTGGGCGACTTATGCGGTGGGCTCTTTCTCGTTGGGCAGTTGTTACGTTTACAGCCAGGATGTA
TGAGATCGCCAGGACTGCAACTGTTCCATCTATGCAGGCCACATCACTGGGCACCGGATGGCG

SEQ ID NO. 41 (FR1, 9a)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAGAAATACTAACCGTCGCCCTATGGAC
GTCAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGC
CCTCGTTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTCCGAACGGTCCCAGCCTAGAGGCAGG
CGCCAGCCCATAACCAAAGGTACGCCAGCCGACAGGCCGTAGCTGGGGTCAACCCGGCTAC
CCTTGGCCCCCTTTATGGCAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGC
GGGTCTCGTCTAATTGGGGCCCCAACGACCCCCGCGAAGGTCCCGCAACTTGGGTAAG
GTCATCGATAACCTTACATNCGGNCTAGCCGACCTCATGGGGTACATCCCTGTCTAGGAGG
GCCGCTTGGCGGCGTTGCGGCTGCCCTGGCGCATGGCGTTAGGGCAATCGAGGACGGGGTCAATTA
CGCAACAGGGAATCTTCTGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTCTTAGCACTGTTATCGTGCCTCAC
TACACCAGCCTCAGCAATTCAAGTCAAGAACGCCTCTGGGATCTACCATCTTACCAATGACTGCTC
GAACAACAGCATCGTTTTTGGAGCGGAGACCATGATACTGCATCTTCCAGGTTGTGTCCCATGTAT
CAAGGCGGGGAATGAGTCACGATGTTGGCTCCCTGTCTCCCCACCTTAGCCGTCCCCAACTCATC
AGTGCCAATCCACGGGTTTCGCCGACACGTAGACCTCCTCGTTGGGGCAGCGGCATTTTGTTCGGC
CATGTACATCGGAGACCTCTGTGGTAGCATAATCTTGGTAGGGCAGCTTTTTACTTTTACGGCCTAA
GTACCATCAGGTTACCCAGGATTGTAAGTGTCTATNAACNCTGGCCACGTACAGGGACACAGGAT
GGCA

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 49 (NE98, 10a)

ATGAGCACACTTCCTAAACCACAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACC?CCGGCCACAGGACGTT
AAGTTCCCAGGCGGCGGTTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACGTGCTACCACGCAGGGGCCCCCAGTTG
GGTGTGCGTGCAGTGCAGCAAGACTTCCGAGCGGTTCGCAACCTCGCAGTAGGCGCCAACCCATCCCC
AGGGCGCGCCGAACCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCCAGGTACCCTTGGCCCCCTATATGGGAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCGCGCGGCTCTC

SEQ ID NO. 51 (NE98, 10a)

GACGGAATTAATTTTCGCAACAGGGAATTTACCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCTTTG
TTCTCATGCTTGCTTACACCCACAGCCGGGCTGGAGTACCGTAATGCCTCCGGACTCTACATGGTA
ACTAACGACTGCAGTAACGGTAGTATCGTGTATGAGGCCGGGGATATTATCCTCCACTTACCTGGC
TGTGTCCCCTGCGTACGCTCTGGCAATACATCAAGATGCTGGATCCCTGTGAGCCCYACCGTCGCC
GTGAAGTCGCCCTGCGCCGCCACCGCCTCTCTCCGCACGCACGTGGATATGATGGTGGGRGCGGCC
ACCTATGCTCAGCTCTCTACGTAGGAGACCTTTGTGGAGCGCTATTTCTTGTGAGGGGAGGGGTTT
TCATGGAGACATCGCCAGCATTGGACTGTCCAGGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 53 (BNL1, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAATGACATCCGTGTGAGGAATCAATATAACCAATGTTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTACATCGGGGGCCCYCTAACCAATTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTACCGTCGGTGCCGCGCCAGCGGCGTGCTGACTACCAGCTGCGGCAA
CACCTTGACATGCTACTTGAAAGCCAGAGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGGGATGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGTGCGGGAGTGCAGGAAGACGCGGCGAA
CCTACGAGCT

SEQ ID NO. 55 (BNL2, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTATCAATGTTGTGACTTGGCCCC
YGAGGCCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTACGTGCGGGGGCCCCCTAACCAATTC
AAAGGGGACAGAACTGCGGCTATCGTCGGTGTCGCGCTAGCGGCGTGCTGACCACCAGCTGCGGCAA
CACCTTCACATGCTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCAGGACTGCACGAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGCGCGGGAGTGCAGGAGGACGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 57 (FR17, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATTCGTGTGAGGAATCAATCTACCAGTGCTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTATATCGGGGGTCCCCCTAACCAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGTCGGTGCCGCGCCAGCGGCGTGCTGACTACCAGCTGCGGTAA
TACCCTCACATGTTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGACTGCACAAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATCTGTGAGAGTGCRRGAGTGCAGGAGGATGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 59 (CAM1078, 1e)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCAGGACGACCGGGTCCTTTCTTGGATCAACCCGCTCAATGCCTGGA
GATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGTGTTGGGTGCGGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCAACCAT
GAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGA
CGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGG
CCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCGCAACCTCGTGGGAG
GCGCCAACCTATTCCCAAGGAGCGCGGACCCGAGGGCAGGTCTGGGCGCAGCCCCGGTA
CCCCTGGCCCCCTCTATGGTAACGAGGGCTGCGGGTGGGCAGGTNGGCTCCTGTCCCCCTCG
CGGCTCCCGTCCTAGTTGGGGTCTTACTGACCCCCGGCGTAGGTACGCAATTTGGGTAA
GGTCATCGATACCCTCACGTGTTGNTTCGCCGACCTCATGGGGTACATACCG

34/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 61 (CAM1078, 1e)

CTCAACGGTCACTGAAGCTGATATCCGAACAGAGGAGTCCATATACCAATGCTGTGACCTGCACCC
CGAAGCACGTGTAGCCATCAAGTCTTTGACTGAAAGGCTGTACGTGCGGGGGGCCCTTGACCAATTC
AAAAGGGGAGAACTGCGGCTATCGCAGATGCCGTGCCAGCGGCGTCTTGACAACCAGCTGCGGCAA
CACCCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCCAAGCTCCAGGACTGCACCAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGGTCGTGATCTGCGAGAGTGTAGGGACCCAGGAGGATGCGGCGAG
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 63 (FR2, 1f)

NTCAACAGTCACTGAGAGTGATATCCGTACAGAGGAGTCCATCTACCAATGCTGTGATCTAGACCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAGGTCCCTCACAGAGAGGCTTTATATCGGGGGTCCCCTGACAAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGCCGATGCCGTGCAAGCGGCGTCTGACGACTAGCTGCGGCAA
CACCCTCACCTGTTACATAAAGGCCAGGGCAGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGATTGCTCAAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTTGTCGTTATCTGCGAGATCGAGGGGNTCCANGAGGATCCGTGCAN
NNNNNNNNNN

SEQ ID NO. 65 (FR16, 1g)

CGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACATC
AACCGCCGCCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTCGGTGGAGTTTAC
CTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGG
TCGCAACCTCGTGGGAGGCGACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGATCCGAGGGCAGGTCC
TGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGCCCCCTCTATGGCAATGAGGGCATGGGTTGGGCAGGG
TGGCTCCTGTCCCCCATGGCTCCCGGCCTAGTTGGGGCCCTTCAGACCCCGGCGTAGG
TCGCGTAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTCACATGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGG
TACATTCCGCTCGTCGGCGCCCCCTAGGGGGCGTTGCCAGGGCCCTGGCGCAAGGCTTC
CGGGATCTACCACGTACCAACGATTGTTCCAATGGGAGCATTGTGTATGAGGCGGAAGG
CATGATCATGCATCTCCCCGGGTGCGTGCCCTGCGTTCCGGAAGGTAATATCTCTCGTTG
CTGGGTACCGTTTTCCCCACGCTCGCAGCCAGGAATGCTAGCGTCCCCACTCAGGCAAT
TCGGCGACACGTGACTTGCTTGTTGGGGCGGCCACACTCTGTTCTGCTATGTATGTGGG
GGACCTCTGTGGGTCCGTCTTCCTCGTCGGCCAACGTGTTACCTTCACAWCCCGCCAGNA
CTACACAGTGCAAGACTGCAATTGTTCCATCTACCCCGGCCATATAACGGG

SEQ ID NO. 67 (FR16, 1g)

NNNNNNNGTCACTGAGAGTGATATCCGTGTGAGGARTCAATTTACCAATGCTGTGACCTGGCCCC
CGAGGCTCGCGTAGCCATAAAGTCGCTCACTGAGCGGCTATATGTCGGGGGCCCTCTCACCAACTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTATCGCCGGTGCCGTGCGAGCGGTGTGCTGACTACTAGCTGCGGTAA
CACCCTCACATGCTACCTGAAAGCCGCCGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGAATGCACAAT
GCTCGTGTGTGGCGACGACCTCGTCGTTATCTGTGAGAGTGCGGGGGTCCAGGAGGATGCTGCAAG
CCTNNNNNNNN

SEQ ID NO. 69 (BNL3, 2e)

CTCGACAGTCACAGAGAGAGATATAAGNACTGAGGAGTCCATATACCAGGCTTGTTTCCTTACCCGA
GCAGGCCAGAACTGCCATACACTCATTGACTGAGAGACTCTACGTAGGAGGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAATCCTGCGGATACAGGCATTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
TACCATCACGTGCTACATCAAGGCCCTAGCGGCTTGTAAGCAGCAGGAATAGTGGCCCCCACCAT
GCTGGTGTGCGCGATGACCTAGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGAGTCGAGGAGGACGACCGGAA
CCTGANNNNNN

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 71 (FR4, 2f)

CTCAACCGTCACAGAGAGGGATATAAGAACTGAGGAGTCCATATACCTGGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAGGCCCCGACTGCCATACATTCACTTAAGTGAAGAGACTTTACGTGGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAGTCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCTAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
CACCATCACGTGTTATGTGAAAGCCCTCGCAGCTTGTAAGCTGCGGGCATTGTTGCCCCACGAT
GCTGGTGTGCGGCATGACCTGGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGGCTGAGGAGGACGAGCGAAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 73 (BNL5, 2h)

CTCAACAGTCGCGGAGAGAGACATCAGGACCGAGGAGTCCATTTACCTTGCTGCTCCTTACCCGA
GCAAGCCCCGAAGTGCCATACATTCACTGAGAGACTTTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAGGGACAGTCCTGCGGTTACAGACGTTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGCATGGGGAA
TACCATCACATGCTATGTGAAGGCATTAGCTGCCTGCAAAGCTGCAGGCATCGTTGCTCCACGAT
GCTGGTTTGTGGCGACGATCTGGTCATCATCTCAGAGAGTCAGGGAACCGAGGAGGATGAGCGGAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 75 (FR13, 2k)

CGNACANCCTCCAGGCCCCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCTTTCTTGGATAAACCCTCTATGCCCGGC
CATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTARCCGAGTAGCGTTGGGTGCGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCATCAT
GAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGA
CGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTTGCCNTGCAGGGG
NCCCAGGTNGNGTNTATGCGCAACGANGAAGACTNCCGAACAGTCCCAGCCACGTGGGAG
GCGCCAGCCCATCCCGAAAGATCGGNGCACCCTGGCAAGTCCTGGGGACGTCCAGGATA
TCCCTGGCCCCCTGTATGGGAACGAGGGCCTCGGGTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCG
GGGCTCCCGCCCCGTATGGGGCCCCACGGACCCCCGGCATAGGTGCGCAACTTGGGTAA
GGTCATCGATAACCCTCACGTNCGGCTTTNCCGACCTCATGGGGTACATTCCCGTCTGTTGG
CGCCCCAGTAGGNGGCGTCCGACAGAGCTCTCGCGCATGGCGTGAGAGTCTGGAGGACGG
GATAAACTATGAAACAGGGAACTCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTCCCTCCTTGCTCT
TCTGTCTTGAATTACCGNGCCAGTTTCTGCTGTGGAAATCAAAAACACCAGMAACACATA
CATGGTGACTAACGACTGTTCAAACAGYAGCATCACCTGGCAGCTTNNGNNGCGGGTGCT
TCACGTTCTTGATGCGTCCCCTGTGAACGAGAGGGCAACAGTTCCCGGTGCTGGATTCC
AGTCACGCCCCRACGTAKNCGTGAGCCGACCTGGTGCCCTAACCGAGGGTTTGCGATCGCA
CATCGACACCATCGTAGCGTCCGCAACATTTTGTCTGCCCTCTACATAGGGGATGTATG
TGGCGGATAATGATAGCTGCCCAAGTGGTCATCGTCTCGCCGGAGCATCATCACTTTGT
CCAGGACTGTAACCTGTTCCATCTACCCGGGCCACATAACGGGGCCTCGTATGTNG

SEQ ID NO. 77 (FR13, 2k)

ATCCACAGTCACTGAAAGAGACATCAGAGTTGAAGAGTCCGTTTATCTGTCTGTTCACTTCCCGA
GGAGGCCCCGAGCTGCCATACACTCACTAAGTGAAGAGTCCGTTTATCTGTCTGTTCACTTCCCGA
CAAGGGGCAATCCTGCGGATACAGGCGCTGCCGCGCCAGCGGGGTGCTCACCCTAGCATGGGGAA
TACTCTCACATGCTACTTGAAGGCCAGGCGGCCTGCAGGGCCGCGGGCATTGTTGCACCCACAAT
GCTGGTGTGTGGCGACGACCTGGTCGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACTGAGAGGGACGAGAACA
CCTGAGACCT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 79 (FR18,21)

CTCAACAGTCACGGAGAGGGACATCAGGAATGAGGAGTCCATATTCCTGGCCTGCTCGTTGCCCGA
GGAGGCCCGGAGCTGTCATACATTCGCTCACTGAGAGACTCTACATAGGCGGGCCGATGATGAACAG
CAAAGGCCAGTCCTGTGGATACAGGCGTTGTGCGGCCAGCGGGGTGTTACCACCTAGCATGGGCAA
TACCATCACGTGCTATGTGAAAGCCATGGCAGCTTGCAGAGCTGCCGGGATTGACGCCCCACAAT
GTTGGTATGTGGCGACGACCTGGTGGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACCGAGGAGGACGAGCGAAA
TCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 81 (PAK64,3g)

CTCTTGACTCTACTGTCACTGAACAGGATATCAGGGTAGAAGAAGAAATATACCAATGTTGTGACC
TTGAGCCGGAGGCTAGACGGGCAATCAAATCGCTCACGGAACGGCTTTACGTTGGAGGTCCCATGT
TCAACAGCAAGGGGCTCAAATGCGGATATCGCCGTTGCCGTGCTAGCGGTGTATTGCCCACTAGCT
ACGGTAATAACAATCACCTGCTACATCAAGGCCAGAGCGGCTGCTCGAGCTGCGGGCCTTCAAGACC
CATCATTCCTTGTCTGCGGAGATGATTTGGTGGTAGTGGCTGAGAGTTGCGKCGTTGATGAGGAGG
ATAGGGCAGC

SEQ ID NO. 83 (BNL8,4k)

CTCCACTGTAACCGAAAAGGACATCAGGCCCGAGGAAGAGGTCTATCAGTGTTGTGACCTGGAGCC
CGAAGCTCGCAAGGTTATTACCGCCCTCACAGAAAGACTCTACGTGGGCGGGCCCATGCACAACAG
CAAGGGAGACCTTTGTGGGTATCGGAGATGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACGACCAGCTTCGGAAA
CACACTGACGTGCTACCTCAAAGCCTCAGCTGCTATTAGAGCGGCAGGGCTGAGAGACTGCACCAT
GCTGGTTTGCGGTGACGACTTGGTTCGTATCGCTGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGATAACCGAGC
CCTCCNAGCC

SEQ ID NO. 85 (BNL12,41)

CTCCACGGTGACTGAAAAGGACATCAGGGTTCGAGGAAGAGATCTATCAATGTTGTGACCTGGARCC
CGAAGCCCGCAAAGCAATATCCGCCCTCACAGAGAGRCTCTACTTGGGCGGGCCCATGTATAACAG
CAAAGGGGAGCTCTGCGGGTATCGGAGGTGCCGCGCAGCGGAGTGACACCACAAGTTTCGGGAA
CACAGTGACCTGCTATCTTAAGGCCACCGCAGCTACCAGGGCTGCAGGCCTAAAAGACTGCACCAT
GCTGGTCTGCGGTGACGACTTGGTTCGTATCGCCGAGAGCGAGGGCGTAGAGGAGGATTCCCAACC
CCTCCGAGCC

SEQ ID NO. 87 (EG81,4m)

CTCCACCGTAACCGAAAGGGACATCAGGGTTCGAGGAGGAGGTCTATCAGTGTTGTGATCTGGAGCC
AGAGGCCCGCAAGGCAATATCCGCCCTCACGGAGAGACTCTATGTGGGCGGTCCCATGTTTAAACAG
CAAGGGAGACCTATGTGGCTACCGCAGGTGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACCACCAGCTTCGGAAA
CACACTGACCTGCTACCTCAAGGCCACGGCCGCTACCAGAGCGGCCGCGCTGAAGGATTGCACAAT
GCTGGTTTGCGGGGACGACCTGGTTCGTATCGCAGAGAGCGATGGCGTGGACGAGGACCGCCGAGC
CCTCCAAGCT

SEQ ID NO. 89 (VN13,7a)

CTCAACAGTCACAGAGCGCGATGTCCAGACGGAGCATGACATCTACCAGTGCTGTAAGTTGGAGCC
CGCAGCACGGACAGCCATCACATCGCTTACTGACCGATTGTACTNCGGTGGTCCCATGTNTAACTC
TAAAGGTCAAGCATGTGGATACCGTAGGTGCAGGGCCAGTGGCGTCTTGACCACCATCCTGGCCAA
TACTCTGACTTGCTACTTGAAAGCTCAGGCGGCATGCAGAGCTGCCGGGCTGAAGGACTTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATTTGCGAGAGTTTGGGGGTCTCGGAGGACACTAGTGC
ACTGCGAGCT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 91 (VN4,7c)

CTCGACAGTCACCGAGCGCGACATCCRCACCGAGCACGACATCTACCAATGCTGCCAACTTGACCC
GGTGGCACGCAAGGCTATTACATCTCTGACTGAGCGGCTGTACTGCGGWGGGCCCCATGATGAACTC
CCGTGGTCAATCATGTGGATACCGTAGGTGCCGAGCCAGTGGCGTGCTCACCACGAGCTTGGGCAA
TACCCTAACATGCTATTTGAAAGCACAAAGCAGCGTGTAGGGCAGCAAAGCTCAAAAACATATGACAT
GTTAGTCTGCGGAGACGATCTAGTCGTTATCGCGGAGAGTGGAGGAGTCTCTGAGGATGTTGACGC
CCTGCGAGCA

SEQ ID NO. 93 (VN12,7d)

CTCCTCCGTCACGGAGCGTGACATCCGCACTGAACACGACATCTATCAGTGCTGCCAATTAGATCC
GGTAGCACGGAAAGCCATTACATCTCTTACTGAGCGGCTGTACTGCGGCGGCCCCATGTACAACCTC
TCGAGGTCAGTCATGTGGGTACCGCAGGTGCCGGGCTAGTGGTGTCTTCACCACAAGCTTGGGCAA
CACCATGACATGCTACCTGAAGGCTCAGGCGGCTTGTAGGGCAGCRAAGCTCAAAAACCTTGTACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTAGTCGTTATTGCTGAGAGCGGAGGAGTCCCTGAGGATGCCGGGGC
CCTGCGAGTC

SEQ ID NO. 95 (FR1,9a)

ATCCACAGTCACGGGGCGCGACATACGCACAGAACNAGACATTTACCTGTCCTGCCAGCTCGACCC
AGAGGCCCCGAAAGCCATAAAGTCTCTCACTGAGAGGCTCTATGTGCGGGGGCCCTATGTACAACCTC
AAAGGGCCAACCTCTGTGGTCAACGCCGATGCCGAGCAAGCGGAGTACTCCCCACAAGCATGGGTAA
CACCATCACATGCTTCCTGAAGGCAACCGCCGCTTGCCGAGCAGCCGGCTTTACAGATTATGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGATTTGGTTGTCGTAACCTGAGAGTGCTGGAGTCAACGAGGATATCGCTAA
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 97 (NE98,10a)

CTCCACTGTCACTGAGCAGGACATCAGGGTAGAACTTTCCATCTTTTCAGGCCTGTGACCTCAAGGA
CGAGGCTAGGAGGGTGATAACTTCACTCACGGAGCGGCTTTACTGTGGTGGTCCTATGTTCAACAG
CAAGGGACAACACTGCGGTTACCGCCGCTGCCGTGCTAGTGGGGTGCTACCCACCAGCTTCGGGAA
CACAATCACCTGTTACATCAAAGCAAAGGCAGCTACCAAAGCTGCCGGAATTAATAATCCATCATT
CCTTGCTGCGGAGATGACTTGGTCTGATTGCTGAGAGTGACAGGGATCGATGAGGACAAGAGCGC
CTTGAGAGCT

SEQ ID NO. 99 (FR14,11a)

CTCTACCGTCACAGAGAGGGACATACGGACAGAAGAATCCATCTATCTGTCTTGTCAATTGCCTGA
AGAGGCCCCGAAAGCCATTAAATCGCTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCTTGCGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCTAAAGCGGCTTGTAAGCCGCTGGCATTGTAGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGTGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAGCGGGA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 101 (FR15,11a)

CTCCACTGTCACTGAGAGAGACATACGGACAGAAGAATCCATCTAYYTGGCTTGTC AATTGCCCGA
AGAGGCCCCGAAAGGCCATTAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAAGGGCCAGGCTTGCGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGGCCAARGCAGCTTGTAAGCYGCTGGCATTGTTGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAGAGCAAGGGGGTAGAGGAGGACCAGCGAGA
CCTAC

Figure 3 - continued

38/74

SEQ ID NO. 103 (FR19, 11a)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAGTACACC
GGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCTTTCTTGGATTAAACCCACTCTATGCCCGGAGATTGTTGGCGTG
CCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGCGTTGGGTGCGAAAGGCCTTGTGGTACTGCCTGATAGGG
TGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAG
ACAAACCAAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGT
TGGCGGGGTGTACTTGTGTCGCGCAGGGGCCCCAGAGTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTC
GGAGCGGTCCCAGCCGCGTGGGAGGCGCCAACCTATCCCCAAGTTAGGCGCACCAACCGGCCGTT

SEQ ID NO. 105 (FR19, 11a)

CTCTACTGTACAGAGAGGGATATACGAACAGAGGAATCCATYTATCTGGCTTGTCAATTGCCCCGA
AGAGGCCCGGAAGGCCATCAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACACACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCCAAGGCGGCTTGTAAGCCGCTGGCATTGTTGACCCAGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCACTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAACGAGA
CCTACGANTC

SEQ ID NO. 2 (BNL1, 1d)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPXXXXXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRXGVRATRKTSERSQPRGRRQPI
KAXRXEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPNWGP

SEQ ID NO. 4 (BNL1, 1d)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPXTAHEVRNASGVYHVTNDCSNSSIIYEMDGMIMHYPG
CVPCVREDNHLRCWMALTPTLAVKXASVPTXAIRRHVDLLVGXXTFCSAMYVXDLCGSVFLAGQLF
TFSPRMHHTTQECNCISI

SEQ ID NO. 6 (BNL2, 1d)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRDRRQPI
KARQSDGXXWAQPGHPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPWSGP

SEQ ID NO. 8 (BNL2, 1d)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLAFLSCLTVPTTAHEVRNASGVYHVTNDCSNSSIIYEMSGMILHAPG
CVPCVRENNSSRCWMXLTPTLAVKDANVPTAAIRRHVDLLVGTAAFRSAMYVGDLCGSVFLVGQLF
TFSPRLYHTTQECNCISI

SEQ ID NO. 10 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRRAARKTSERSQPRGRRQPI
KERRPEGR

SEQ ID NO. 12 (FR2, 1f)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPI
KARRPEGRSWAQPGYPWPLYANEGCGWAGWLLSPRGSRPWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGASRTLXHGVRVLXGGVXXXXXNLXGCSXXIFLLXLLSCLTVPTSAYEVHSTT
DGYHVTNDCSNGSIVYEAKDIIILHTPGXVPCIREGNISRCWVPLTPTLAARIANAPIDEVRRHVDL
LVGAAVFCSAMYGDLGCGVFLVGQLFTFTSRRHWT
VQDCNCSIYSGHITGHXXX

SEQ ID NO. 14 (BNL3, 2e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPI
KDRXATGRSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPWSG

SEQ ID NO. 16 (BNL3, 2e)

TCXXADLMGYXPVVGAPVGGXARALAXGVRVLEDGINYXTGNLPGCSFSIFXLALLSCVTVPVSVXV
EVKNTSQAAYMATNDCSNNSIVWQLXDAVLHVPVCPCENS SGRFHCWIPISPNI AVSKPGALTKGL
RARIDAVVMSATLCSALYVGDVCGAVMIAAQAFIVAPKRHYFVQECNCISIYPGHITGHRMA

39/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 18 (FR4, 2f)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAPRKTSEERSQPRGRRQPI
KDRRATGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRHRSRNLGKVIDTLTCGFXD
LMGYIPVVGAPVGGVARALAHGVRVLEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAIQVKNN
HFYMATNDCANDSIVWQLRDAVLHVP GCVP CERSGNRTFCWTAVSPNVAVSRPGALTRGLRAHIDT
IVMSATLCSALYIGDL CGAVMIAAQVAVVSPQYHTFVQECNC SIYPGHITGHRMX

SEQ ID NO. 20 (BNL4, 2g)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCVTVPVSAVQVKNTSTMYMATNDCSNNSIIWQM OGAVLHVP
CVPCELQGNKSRWIPVTPNVAVNQPGALTRGLRTHIDTIVMVATLCSALYIGDVC GAVMIAAQV
IVSPQHNF S QDCNCSI

SEQ ID NO. 22 (BNL5, 2h)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGRSLAEYTCARRGKLRSSMG

SEQ ID NO. 24 (BNL5, 2h)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAVQVKNTSHSYMVTNDCSNSSIVWQLKDAVLHVP
CVP CERHQNSRCWIPVTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVASATVCSALYVGDFCGAVMLVSQFF
MIS PQHHIFVQDCNCSI

SEQ ID NO. 26 (BNL6, 2i)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAVQVANRSGSYMVTNDCSNSSIVWQLEEA VLHVP
CVPCEWKDNTSRCWIPVTPNIAVSQPGAXTKGLRTHIDIIVASATFCSALY

SEQ ID NO. 28 (BNL7, 4k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSEERSQPRGRRQPI
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSR

SEQ ID NO. 30 (BNL7, 4k)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNVSGIYYVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVP CVREGNQSRCWALTPTVAAPYIGAPLESLSHV DLMVGAATVCSALYIGDXCXGLFLVGQMF
SFRPRRHWT TQDCNCSI

SEQ ID NO. 32 (BNL8, 4k)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNTSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVP CVRTGNQSRCWALTPTVAAPYIGAPLESLSHV DLMVGAATVCSALYIGDL CGGLFLVGQMF
SFRPRRHWT A QDCNCSI

SEQ ID NO. 34 (BNL9, 4k)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYHNTSGIYHITNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVP CVRVGNQSSCWALTPTTAAAPYIGAPLESLSHV DLMVGAATVCSALYIGDL CGGAFLVGQMF
SFRPRRHWT TQDCNCSI

SEQ ID NO. 36 (BNL10, 4k)

DGINYATGNIPGCXFSIFLXALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILALP
CVP CVRVGNQSRCWALTPTVAAPYTAAPLESLSHV DLMVGAATVCSALYIGXLCGGLFLVGQMF
SXQPRRHWT TQDCNCSI

SEQ ID NO. 38 (BNL11, 4k)

DGINYATGXLPGCFSIFLLALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVFEADHHILHLP
CVP CVKEGNHSRCWALTPTTAAAPYIGAPLESLSHV DVMVGAATVCSALYIGDL CGGLFLVGQMF
SFRPRRHWT TQECNCSI

SEQ ID NO. 40 (BNL12, 4l)

DGINYATGNLPGCSFSIFILALLSCLTVPASAQHYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYESDHHILHLP
CVP CVKTGNTSRCWALTPTTAAAPILSAPLMSVRRHV DLMVGAATLSSALYVGDL CGGAFLVGQMF
TFQPRRHWT VQDCNCSI

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 46 (VN13, 7a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSEERSQPRGRRQPIPKVRHQTGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPXGSRPNWGPNDPRXRSRNLGKVIDTLTXXFADLIEYI

SEQ ID NO. 44 (VN4, 7c)

MSTLPKPQRKTKRNTIIRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSEERSQPRGRRQPIPKVRHQTGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPVVGAPXGGVAXALAHGVXXIEDXVNYATXNLPXXSXSIXLLALLSCLTTPASAAHYTNKSLYHLTNDPCPNSSIVYEAE TLILHLP GCVP CVKXXNQSRCWVQASPTLAVPNASTPVTGFRKHVDIMVGAAAFCSAMYVGDL CGGLFLVGQLFTLRPRMHQVVQECNC SIYTGHITGHRMA

SEQ ID NO. 48 (VN12, 7d)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSEERSQARGRRQPIPKVRQNOGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPDWXPNDPRXRSRNLGKVIDTLTCGFADLMEYIPVVGAPLGGVAAELXHGVR AIEDGINYATGNLPGCSFSIFXLALLSCLTTPASALNYANKSLYHLTNDPCPNSSIVYEANGMILHLP GCVP CVKTGNLTKCWLSASPTLAVQNASVSIRGVREHVDL LVGAAAFCSAMYVGDL CGGLFLVGQLFTFRPRMYEIAQDCNC SIYAGHITGHRMA

SEQ ID NO. 42 (FR1, 9a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSEERSQPRGRRQPIPKVRQPTGRSWGQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTXXLADLMGYIPVLGGPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTTPASAIQVKNASGIYHLTNDCSNNSIVFEAETMILHLP GCVP C I KAGNESRCWLPVSP T L A V P N S S V P I H G F R R H V D L LVGAAAFCSAMYIGDL CGS I I L V G Q L F T F R P K Y H Q V T Q D C N C S X N X G H V T G H R M A

SEQ ID NO. 50 (NE98, 10a)

MSTLPKPQRKTKRNTNXRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLP RRG P Q L G V R A V R K T S E E R S Q P R S R R Q P I P R A R R T E G R S W A Q P G Y P W P L Y G N E G C G W A G W L L S P R G S R P S W G P N D P R R R

SEQ ID NO. 52 (NE98, 10a)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALFSCLLTPTAGLEYRNASGLYMTNDCSNGSIVYEAGDIILHLP GCVP C V R S G N T S R C W I P V S X T V A V K S P C A A T A S L R T H V D M M V X A A T L C S A L Y V G D L C G A L F L X G Q G F S W R H R Q H W T V Q D C N C S I

SEQ ID NO. 54 (BNL1, 1d)

STVTENDIRVEESIQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGXL T N S K G Q N C G Y R R C R A S G V L T T S C G N T L T C Y L K A R A A C R A A K L R D C T M L V C G D D L V V I C E S A G V E E D A A N L R A

SEQ ID NO. 56 (BNL2, 1d)

STVTENDIRTEXSIYQCCDLAXEARKAIKSLTERLYVGGPL T N S K G Q N C G Y R R C R A S G V L T T S C G N T L T C Y L K A R A A C R A A K L Q D C T M L V C G D D L V V I C E S A G V E E D A A N L R V

SEQ ID NO. 58 (FR17, 1d)

STVTENDIRVEESIQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGPL T N S K G Q N C G Y R R C R A S G V L T T S C G N T L T C Y L K A R A A C R A A K L Q D C T M L V C G D D L V V I C E S X G V E E D A A N L R V

41/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 60 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRLGVRRAARKTSERSQPRGRRQPIIP
KERRPEGRSWAQPYPWPLYGNEGCGWAGXLLSPRGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCXFAD
LMGYIP

SEQ ID NO. 62 (CAM1078, 1e)

STVTEADIRTEESIIYQCCDLHPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGENCYRRCRASGVLTTS CGN
TLTCYIKALAAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVICE SVGTQEDAASLRA

SEQ ID NO. 64 (FR2, 1f)

STVTESDIRTEESIIYQCCDLDP EARKAIRSLTERLYIGGPLTNSKGQNCYRRCRASGVLTTS CGN
TLTCYIKARAACRAAKLQDCSMLVCGDDLVICEIEGXXEDPSXXXX

SEQ ID NO. 66 (FR16, 1g)

MSTNPKPQRKTKRNINRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIIP
KARRSEGRSWAQPYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPHGSRPSWGPDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGVARALAQGFRDL

SEQ ID NO. 68 (FR16, 1g)

XXVTESDIRVEXSIIYQCCDLAPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCYRRCRASGVLTTS CGN
TLTCYLKAAAACRAAKLRECTMLVCGDDLVICE SAGVQEDAASXXX

SEQ ID NO. 70 (BNL3, 2e)

STVTERDIXTEESIIYQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRHCRASGVLTTS MGN
TITCYIKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVISESQGV EEDDRNLXX

SEQ ID NO. 72 (FR4, 2f)

STVTERDIRTEESIIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTS MGN
TITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVISESQGA EEDERNLRV

SEQ ID NO. 74 (BNL5, 2h)

STVAERDIRTEESIIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTS MGN
TITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVI ISESQGT EEDERNLRV

SEQ ID NO. 76 (FR13, 2k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLXCRXPRXXXCATXKTXEQSQPRGRRQPIIP
KDRXTTGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPTDPRHRSRNLGKVIDTLTXGFXD
LMGYIPVVGAPVXGVARALAHGVRVLEDGINYETGNLPGCSFSISLLALLSITXPVSAVEIKNTXN
TYMVTNDCSNXSITWQLXXAVLVHVP GCVP CEREGNSSRCWIPVTPXVXVSRPGALTEGLRSHIDI
VASATFCSALYIGDVC GAIMIAAQVVIVSPEHHHFVQDCNCSIYPGHITGPRMX

SEQ ID NO. 78 (FR13, 2k)

STVTERDIRVEESVYLSCSLPEEARAAIHSLTERLYVGGPMQNSKGQSCGYRRCRASGVLTTS MGN
TLTCYLKAQAACRAAGIVAPTMLVCGDDLVI SESQGT ERDENNLRP

42/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 80 (FR18,21)

STVTERDIRNEESIFLACSLPEEARTVIHSLTERLYIGGPMNSKGQSCGYRRCRASGVFTTSMGN
TITCYVKAMAACRAAGIDAPTMLVCGDDLVI SE SQTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 82 (PAK64,3g)

STVTEQDIRVEEEIYQCCDLEPEARRAIKSLTERLYVGGPMFNSKGLKCGYRRCRASGVLP TSYGN
TITCYIKARAAARAAGLQDPSFLVCGDDL VVVAESCXVDEEDRAALR

SEQ ID NO. 84 (BNL8,4k)

STVTEKDIRPEEEVYQCCDLEPEARKVITALTERLYVGGPMHNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSFGN
TLTCYLKASAAIRAAGLRDCTMLVCGDDL VVIAESDGVEEDNRALXA

SEQ ID NO. 86 (BNL12,4l)

STVTEKDIRVEEEIYQCCDLXPEARKAISALTEXLYLGGPMYNSKGELCGYRRCRASGVYTTSFGN
TVTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDL VVIAESEGVSEEDSQPLRA

SEQ ID NO. 88 (EG81,4m)

STVTERDIRVEEEVYQCCDLEPEARKAISALTERLYVGGPMFNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSFGN
TLTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDL VVIAESDGVEEDRRALQA

SEQ ID NO. 90 (VN13,7a)

STVTERDVQTEHDIYQCCKLEPAARTAITSLTDRLYXGGPMXNSKGQACGYRRCRASGVLT TILAN
TLTCYLKAQAACRAAGLKDFDMLVCGDDL VVISESLGVSEDT SALRA

SEQ ID NO. 92 (VN4,7c)

STVTERDIXTEHDIYQCCQLDPVARKAITSALTERLYCXGPMNSRGQSCGYRRCRASGVLT TSLGN
TLTCYLKAQAACRAAKLKNYDMLVCGDDL VVIAESGGVSEDDALRA

SEQ ID NO. 94 (VN12,7d)

SSVTERDIRTEHDIYQCCQLDPVARKAITSALTERLYCGGPMYNSRGQSCGYRRCRASGVFT TSLGN
TMTCYLKAQAACRAXKLKNFDMVCGDDL VVIAESGGVPEDAGALRV

SEQ ID NO. 96 (FR1,9a)

STVTGRDIRTEXDIYLSQQLDPEARKAIKSLTERLYVGGPMYNSKGQLCGQRRCRASGVLP TSMGN
TITCFLKATAACRAAGFTDYDMLVCGDDL VVVTESAGVNEDIANLRA

SEQ ID NO. 98 (NE98,10a)

STVTEQDIRVELSIFQACDLKDEARRVITSALTERLYCGGPMFNSKGQHCGYRRCRASGVLP TSGN
TITCYIKAKAATKAAGIKNPSFLVCGDDL VVIAESAGIDEDKSALRA

SEQ ID NO. 100 (FR14,11a)

STVTERDIRTEESIYLSQQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFT TSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDL VVISESKGVEEDQRDLRV

Figure 3 - continued

43/74

SEQ ID NO. 102 (FR15,11a)

STVTERDIRTEESIXXACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAXAACKXAGIVDPVMLVCGDDLVI SESKGVEEDQORDLXX

SEQ ID NO. 104 (FR19,11a)

MSTNPKPQRQTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRVGVRATRKT SERSQPRGRRQPI P
KVRRTTGR

SEQ ID NO. 106 (FR19,11a)

STVTERDIRTEESXYLACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVI SESKGVEEDQORDLRX

44/74

Figure 4. Core/E1 amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID		50
HCV-1	1a	1	MSTNPKPQKKNKRNTRRPQDVKFPGGQIVGGVYLLPRRGPRRLGVRATR	
HCV-J	1b		-----R-T-----	
BNL1	1d	2	-----R-T-----XXXXX-X-----	
BNL2	1d	6	-----R-T-----X-----	
CAM1078	1e	10/60	-----R-T-----V-----A-----	
FR2	1f	12	-----R-T-----	
FR16	1g	66	-----R-T--I-----	
HC-J6	2a		-----R-T-----	
HC-J8	2b		-----R-T-----	
CH610	2c		-----R-T-----	
NE92	2d		-----R-T-----	
BNL3	2e	14	-----R-T-----	
FR4	2f	18	-----R-T-----P-----	
FR13	2k	76	-----R-T-----XC-X-XXXC-X-----	
EB1	3a		--R-T--I--V-----C-----	
NZL1	3a		--L--R-T--I--V-----	
HCV-TR	3b		--L--RQT--L--N--V-----V-----	
GB358	4c		-----R-T-----M-----	
DK13	4d		-----R-T-----M-----	
CAM600	4e		-----R-T-----M-----	
GB809	4e		-----L-R-T-----M-----	
HPCCOREEZA	4?		-----T-----G-----	
HPCCOREZB	4?		-T-----M-----	
HPCCOREZC	4?		-----M-----	
GB724	4?		-----R-T-----	
BNL7	4k	28	-----R-T-----M-----	
BE95	5a		-----R-T-----M-----	
HK2	6a		-----L--R-T-----T-----M-----	
VN13	7a	46	-----L--R-T-----	
VN4	7c	44	-----L--R-T--I-----	
VN12	7d	48	-----L--R-T-----M-----	
FR1	9a	42	-----L--R-T-----M-----	
NE98	10a	50	-----L--R-T--X--V-----Q-----V-----	
FR19	11a	104	-----RQT-----V-----	

45/74

Isolate	Type	SEQ ID	core-v	100
HCV-1	1a	51	KTSESRQPRGRROPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSP	
HCV-J	1b		-----M-----	
BNL1	1d	2	-----X-X-S-----X-----	
BNL2	1d	6	-----D-----QSD-XX-H-----	
CAM1078	1e	10/60	-----E-S-----X-----	
FR2	1f	12	-----S-----A-----	
FR16	1g	66	-----S-S-----M-----	
HCVJ6	2a		-----D-ST-KS-GK-----L-----	
HCVJ8	2b		-----D-ST-KS-GK-----L-----	
CH610	2c		-----D-TT-KS-GR-----L-----	
NE92	2d		-----D-TT-KS-GK-----L-----	
BNL3	2e	14	-----D-XAT-S-GR-----L-----	
FR4	2f	18	-----D-AT-KS-GR-----L-----	
FR13	2k	76	-----D-XTT-KS-GR-----L-----	
EB1	3a		-----S-S-----	
NZL1	3a		-----S-S-----	
HCV-TR	3b		-----KQ-HL-SR-S-----K-L-----	
GB358	4c		-----S-S-----	
DK13	4d		-----QL-S-----	
CAM600	4e		-----T-S-----	
GB809	4e		-----S-S-----	
BNL7	4k	28	-----S-S-----X-----	
HPCCOREEZA	4?		-----S-S-----F-----	
HPCCOREZB	4?		-----S-S-----	
HPCCOREZC	4?		-----S-S-----K-----	
GB724	4?		-----S-S-----A-----	
BE95	5a		-----Q-T-S-G-----A-L-----	
HK2	6a		-----Q-Q-H-----	
VN13	7a	46	-----V-HQT-----	
VN4	7c	44	-----V-HQT-----	
VN12	7d	48	-----V-QNQ-----	
FR1	9a	42	-----V-Q-T-S-G-----	
NE98	10a	50	-----S-R-T-S-----	
FR19	11a	104	-----V-TT-----	

Isolate	Type	SEQ ID	101	150
HCV1	1a		R	G
HCV-J	1b		S	R
BNL1	1d		P	P
BNL2	1d		R	R
CAM1078	1e	10/60	R	R
FR2	1f	12	R	R
FR16	1g	66	R	R
HC-J6	2a		H	S
HC-J8	2b		N	S
CH610	2c		H	S
NE92	2d		H	S
BNL3	2e	14/16	H	S
FR4	2f	18	H	S
FR13	2k	76	H	S
HCV-TR	3b		N	S
GB116	4c		N	S
DK13	4d		N	S
CAM600	4e		N	S
GB809	4e		N	S
G22	4f		N	S
GB549	4g		N	S
GB438	4h		N	S
BNL7	4k		N	S
BE95	5a		N	S
HK2	6a		N	S
VN13	7a	46	N	S
VN4	7c	44	N	S
VN12	7d	48	N	S
FR1	9a	42	N	S
NE98	10a	50	N	S

47/74

Isolate	Type	SEQ ID	151	151	200
HCV1	1a		LAHGVRLVDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL		
HCV-J	1b		-----I-----E-----VS-I		
BNL1	1d	4	-----XT-HE-----AS-V		
BNL2	1d	8	-----TT-HE-----AS-V		
FR2	1f	12	-X-----XG-----XX-----X-----E-HST-DG		
FR16	1g	66	--Q-F-D-		
HC-J6	2a		-----F-----I-T-V-----AE-K-ISTG		
HC-J8	2b		-----I-----V-----VE-----ISSS		
CH610	2c		-----I-----S-----IS-V-----VE-K-TSTS		
S83	2c		-----VE-KDTGDS		
NE92	2d		-----I-----I-----V-GL-----K-TSSS		
BNL3	2e	16	-X-----I-X-----V-----V-XVE-K-TSQA		
FR4	2f	18	-----I-----I-----V-----I-----K-NSHF		
BNL4	2g	20	-----V-----V-----V-----K-TSTM		
BNL5	2h	24	-----I-----V-----V-----K-TSHS		
BNL6	2i	26	-----I-----I-----V-----V-----A-RS-S		
FR13	2k	76	-----I-E-----S-----/I-X-V-----VEIK-TXNT		
BR36	3a		-----LEW-TS-		
HCV-TR	3b		-----A-G-----F-----C-----GLEYT-TS-		
Z4	4a		-----EHY-AS-I		
GB809-4	4a		-----EHY-AS-I		
Z1	4b		-----VHY-AS-V		
GB116	4c		-----T-----VNY-AS-V		
GB215	4c		-----IHY-AS-V		
GB358	4c		-----VNY-AS-I		
DK13	4d		-----NY-----S-V		
CAM600	4e		-----AV-----I-----T-----VNY-AS-I		
GB809-2	4e		-----AV-----I-----GVNY-AS-V		
CAMG22	4f		-----AV-----I-----VHYH-TS-I		
CAMG27	4f		-----VHYH-TS-I		
GB549	4g		-----AV-----I-----QHY-TS-I		
GB438	4h		-----AV-----I-----V-----R-----QHY-AS-I		
BNL7	4k	30	-----I-F-----I-----V-----R-----QHY-AS-I		
BNL8	4k	32	-----I-----I-----I-----V-----R-----QHY-AS-I		
BNL9	4k	34	-----I-----I-----I-----V-----R-----QHY-AS-I		
BNL10	4k	36	-----I-----I-----I-----V-----R-----QHY-AS-I		

BNL11	4k	38	--I--X-----	-----TNY--VS-I
BNL12	41	40	--I-----	-----QHY--VS-I
BE95	5a		-----I-----	-----VPY--AS-I
BE100	5a		-----I-----	-----VPY--AS-I
HK2	6a		-----AI--I-----	-----T-----LTYG--S--
VN4	7c	44	-----XXI--X-----	-----T-----AHYT--KS--
VN12	7d	48	-X-----AI--I-----	-----T-----LNYA--KS--
FR1	9a	42	-----AI-----	-----T-----I--K--AS-I
NE98	10a	52	--I-F-----	-----F--LT-TAGLEY--AS--

Isolate	Type	SEQ ID	V1	V2	V3	V4
HCV-1	1a		201			250
HCV-J	1b		YHVTNDCPNSSIVYEADAAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVAIFRD			
BNL1	1d	4	-----S-----	-----M-M-----	-----S-F-----	-----L-A-N-----
BNL2	1d	8	-----S-----	-----I-MDGM-M-Y-----	-----D-HL-----	-----M-L-----L-VKX-----
FR2	1f	12	-----S-----	-----I-MSGM-----A-----	-----N-S-----MXL-----	-----L-VK-----
HC-J6	2a		-----S-G-----	-----K-I-----X-----I-----	-----I-----PL-----	-----L-A-I-----
HC-J8	2b		-----T-D-----	-----TWQLQA-V-----V-----	-----EKV-----T-----	-----IPVS-N-----VQQ-----
CH610	2c		-----Y-A-----	-----S-N-----TWQLT-V-----L-----	-----ENDNGTLH-----	-----IQV-N-----VKH-----
S83	2c		-----M-----	-----S-----WQLEG-V-----	-----EQI-----	-----PVS-N-----I-Q-----
NE92	2d		-----MP-----	-----S-----WQLEG-V-----	-----E-TA-V-----	-----PVA-NL-ISQ-----
BNL3	2e	16	-----M-----	-----Q-----WQLR-V-----V-----	-----EEK-----I-----	-----IPVS-NI-VSQ-----
FR4	2f	18	-----MA-----	-----S-N-----WQLX-V-----V-----	-----ENSSGRFH-----	-----IPIS-NI-VSK-----
BNL4	2g	20	-----MA-----	-----A-D-----WQLR-V-----V-----	-----E-S-RTF-----	-----T-VS-N-----VSR-----
BNL5	2h	24	-----MA-----	-----S-N-----IWQM-QG-V-----V-----	-----ELQ-K-----	-----IPV-N-----VNQ-----
BNL6	2i	26	-----M-----	-----S-----WQLK-V-----V-----	-----E-HQ-Q-----	-----IPV-N-----VSQ-----
FR13	2k	76	-----M-----	-----S-----WQLEE-V-----V-----	-----EWKD-T-----	-----IPV-NI-VSQ-----
BR36	3a		-----M-----	-----S-X-----TWQLXX-V-----V-----	-----E-----S-----	-----IPV-X-XVSR-----
HCVTR	3b		-----VL-----	-----S-----D-V-----	-----I-----QD-----	-----T-T-----TPV-----VKY-----
Z4	4a		-----VL-----	-----S-G-----E-V-----L-----	-----TT-Q-S-----	-----TTVST-----V-T-----
GB809-4	4a		-----I-----	-----DHH-----L-----	-----MT-----	-----TPV-----VAH-----
Z1	4b		-----I-----	-----V-----TDHH-----L-----	-----A-V-----	-----TPV-----AVS-----
GB116	4c		-----I-----	-----T-----TEHH-M-L-----	-----TE-T-----	-----PL-----APY-----
GB215	4c		-----I-----	-----DHH-----L-----	-----V-Q-----	-----L-----APY-----
GB358	4c		-----I-----	-----DHH-----L-----	-----V-Q-----	-----LS-----APY-----
DK13	4d		-----I-----	-----TEHH-----L-----	-----V-Q-----	-----L-----APY-----
CAM600	4e		-----I-----	-----TDYH-----L-----	-----K-T-----	-----SL-----AQH-----
GB809-2	4e		-----I-----	-----A-----TENH-----L-----	-----T-Q-----	-----L-----SPY-----
CAMG22	4f		-----I-----	-----A-----TDNH-----L-----	-----KT-Q-----	-----L-----SPY-----
CAMG27	4f		-----L-----	-----F-VHH-----L-----	-----T-Q-----	-----L-----L-APY-----
GB549	4g		-----I-----	-----F-EHH-----L-----	-----T-Q-----	-----I-L-----L-APH-----
GB438	4h		-----	-----DHH-M-L-----	-----T-T-----	-----PL-----APY-----
BNL7	4k	30	-----Y-----	-----DHH-M-L-----	-----T-V-----	-----IPL-----VPY-----
BNL8	4k	32	-----	-----DHH-----L-----	-----Q-----	-----L-----APY-----
BNL9	4k	34	-----I-----	-----DHH-----L-----	-----T-Q-----	-----L-----APY-----
BNL10	4k	36	-----	-----DHH-----L-----	-----V-Q-S-----	-----L-----I-APY-----
BNL11	4k	38	-----	-----DHH-AL-----	-----V-Q-----	-----L-----APY-----
			-----	-----F-DHH-----L-----	-----K-H-----	-----L-----APY-----

BNL12	41	40	-----SDHH-----L-----KT-----T-----L-----API
GB724	4x		--I-----V-----TDHH-----L-----T-----V-----TPV-----AVS
BE95	5a		-----DNL-----A-----MT-----V-----QI-----LSAPS
BE100	5a		-----D-----L-----A-----KD-----V-----QI-----LSAPS
HK2	6a		--L-----L-----DAM-----L-----VDDR-----T-----H-----V-----L-----IPN
VN4	7c	44	--L-----ETL-----L-----KXX-----Q-----QAS-----L-----VPN
VN12	7d	48	--L-----NGM-----L-----KT-----LTK-----LSAS-----L-----VQN
FR1	9a	42	--L-----S-----N-----F-----ETM-----L-----IKA-----E-----LPVS-----L-----VPN
NE98	10a	52	-M-----S-----G-----G-----I-----L-----S-----T-----IPVSX-----VKS

Isolate	Type	SEQ ID	V4		V5	
			251	300		
HCV-1	1a		GKLPATQRRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCGSVFLVGQFTFSPRRHWT			
HCV-J	1b		SSI-T-TI-V-----A-A-----M-----S-----YE-			
BNL1	1d	4	ASV-TXAI-V-----XX-F--M-X-----A-----M-H-			
BNL2	1d	8	ANV-TAAI-V-----T-AFR-M-----LYH-			
FR2	1f	12	ANA-IDEV-V-----A-VF--M-I-----G-----TS-----			
HC-J6	2a		PGALTQG-T--MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F			
HC-J8	2b		RGALTRS-T-V-MI-MA-A-----V-A-MILS-A-MV--Q--NF			
CH610	2c		PGTLTKG-A-V-VI-M-----V-ALMIAA-AVIA-Q--TF			
S83	2c		PGALTKG-A--II-M--V-----V-ALM-AA-VVVV--QH-TF			
NE92	2d		PGALTKG-T--TIIA--F-----I-----A-M-AS-V-II--QH-KF			
BNL3	2e	16	PGALTKG--AR--AV-M-----V--A-MIAA-A-IVA-K--YF			
FR4	2f	18	PGALTRG-A--TI-M-----I-----A-MIAA-VAVV--QY-TF			
BNL4	2g	20	PGALTRG-T--TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF			
BNL5	2h	24	PGALTRG-T--TI-A--V-----F-A-M--S-F-MI--QH-IF			
BNL6	2i	26	PGAXTKG-T--II-A--F-----			
FR13	2k	76	PGALTEG--S--TI-A--F-----I--V--ALMIAA-VVIV--EH-HF			
BR36	3a		VGATTASI-S-V-----A-M-----M-A-----A--R--Q-			
HCVTR	3b		LGVTTASI-T-V-M--ARQ-----AF-A-----A--R--T-			
24	4a		PGA-LESF--V-M-A-A-V--V-----GA-M-MI-R-----			
GB809-4	4a		MDA-LESF--V-M-A-A-V--V-----GA-M-MI-R-----			
21	4b		PNA-LESM--V-M-A-A-M--F-I-----G-----D-R-----			
GB116	4c		VGA-LES--S-V-M-A-A-V--I-----G-----M-S-Q-----			
GB215	4c		IGA-VESF--V-MM-A-A-V--I-----G-----M-S-R-----			
GB358	4c		IGA-LES--S-V-M-A-A-A--I-----G-----M-S-Q-----			
DK13	4d		LNA-LES--V-M-G-----I-V-G-----Q-----			
CAM600	4e		AGA-LEP--V-M-A-A-M-----I-----GL-----M--Q-----			
GB809-2	4e		VGA-LEP--V-M-A-A-V-----I-----GL-----M--Q-----			
CAMG22	4f		LGA-LESM--V-M-T-----I-----GI--A-M--R--L--L--			
CAMG27	4f		IGA-LESM--V-M-T-----I-----GI--A-M--R--L--L--			
GB549	4g		VGA-LESM--V-M-A-A-V-----I-----G-----M--R-----			
GB438	4h		LGA-L-SV-Q-V-M-A-A-----I-H-G--A-MVS-Q-----			
BNL7	4k	30	IGA-LES--S-V-M-A-A-V-----I-X-XGL-----M-S-R-----			
BNL8	4k	32	IGA-LES--S-V-M-A-A-V-----I-----GL-----M-S-R-----			
BNL9	4k	34	IGA-LES--S-V-M-A-A-V-----I-----GA-----M-S-R-----			
BNL10	4k	36	TAA-LES--S-V-M-A-A-V-----I-X--GL-----M-SXQ-----			
BNL11	4k	38	IGA-LES--S-V-VM-A-A-V-----I-----GL-----M-S-R-----			

52/74

BNL12	41	40	LSA-LMSV---	V-M-A--S-	---	GA---	M-Q---
GB724	4x		VDA-LESF---	V-M-A--V-	---	GA---	M-Q---
BE95	5a		LCAVTAP---	AV-Y-A-G-A-	---	A-AL---	M-YR-Q-A-
BE100	5a		FGAVTAP---	AV-Y--G-A-	---	A-AL---	M-YR-Q-A-
HK2	6a		AST---GF---	V--A-A-VV--S-I-	---	L-A---	Q---
VN4	7c	44	AST-V-GF-K-V-	IM--A-AF--M-	---	GL---	LR-M-QV
VN12	7d	48	ASVSIRGV-E-V-	---A-AF--M-	---	GL---	R-MYEI
FR1	9a	42	SSV-IHGF---	V---A-AF--M-I-	---	II---	R-KY-QV
NE98	10a	52	PCAATAS--T-V-	MM-XA-----	---	AL--X--G-	SWRH-Q---

Isolate	Type	SEQ ID	V5 ID	319
HCV-1	1a		301	TQGCNCSIYPGHITGHRMA
HCV-J	1b			V-D-----VS-----
BNL1	1d	4		--E-----
BNL2	1d	8		--E-----
FR2	1f	12		V-D-----S-----XXX
HC-J6	2a			V-D-----T-----
HC-J8	2b			--E-----Q-----
CH610	2c			V-E-----X-----
S83	2c			V-E-----R-----
NE92	2d			V-D-----
BNL3	2e	16		V-E-----
FR4	2f	18		V-E-----X-----
BNL4	2g	20		S-D-----
BNL5	2h	24		V-D-----
FR13	2k	76		V-D-----P-X-----
BR36	3a			V-T-----L-----LS-----
HCVTR	3b			V-T-----VS-----
Z4	4a			--E-----T-----
GB809-4	4a			--D-----T-----
Z1	4b			--D-----VS-----
GB116	4c			--D-----A-V-----
GB215	4c			--D-----A-----G-----
GB358	4c			--D-----A-V-----
DK13	4d			--D-----T-----
CAM600	4e			--D-----T-----
GB809	4e			--D-----A-----
CAMG22	4f			--E-----T-----
CAMG27	4f			--E-----
GB549	4g			--D-----D-----
GB438	4h			--D-----V-----
BNL7	4k	30		--D-----
BNL8	4k	32		A-D-----
BNL9	4k	34		--D-----
BNL10	4k	36		--D-----
BNL11	4k	38		--E-----
BNL12	4l	40		V-D-----

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

GB724	4x:	--D----	T----
BE95	5a	V-N----	S--V----
BE100	5a	V-D----	S--V--Q----
HK2	6a	V-D----	T--V----
VN4	7c	V-E----	T----
VN12	7d	A-D----	A----
FR1	9a	--D----	XX--V----
NE98	10a	V-D----	

55 / 74

Figure 5. NS5B nucleotide alignment

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
HCV-1	1a		CTCCACAGTCACTGAGAGCGACATCCGTACGGAGGAGGCAATCTACCAAT	
HCV-J	1b		---A-G---AT---AT---T---AT---T---T---	
BE90	1b		N--A---C---A---GTT---T---T---T---	
BNL1	1d	53	---G---T---AT---GTC---AT---A---	
BNL2	1d	55	---G---T---A---C---RAT---T---	
FR17	1d	57	---G---T---A---T---GTC---AT---G---	
CAM1078	1e	61	---A-G---AGCT-T---A-A---T-C-A---	
FR2	1f	63	N--A---T---T---A---T-C---	
FR16	1g	67	NNNNNN---T---T---GTC---RT---T---	
HC-J6	2a		---A-C---A---A-G-T---T-C-A-T-GGG	
HC-J8	2b		---A-C---G---G---AA-A-A---A-AT-C-A-T-GG	
BNL3	2e	69	---G---A---A---T-AA-N-T---T-C-A---GG	
FR4	2f	71	---A-C---A---G-T-AA-A-T---T-C-A---TGG	
BNL5	2h	73	---A---G-G---A---A-G-C---T-C-T---TTG	
FR13	2k	77	A---A---A---A-AGTT-A---T-CG-T-T-TG-	
FR18	2l	79	---A---G---G---A-G-AT---T-C-A-T-TGG	
T1	3a		---A-T---ACAG---A-GGT---A---AG-A---	
T9	3b		---T-T---ACAT---A-G---AG-A---	
PAK64	3g	81	---T-T---ACAG-T---A-GGTA-A-A-A---	

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4c	7932	7981
GB116	4c		
GB215	4c		
GB358	4c		
GB809	4e		
GB549	4g		
BNL8	4k	83	
BNL12	4l	85	
EG81	4m	87	
CHR18	5a		
VN13	7a	89	
VN4	7c	91	
VN12	7d	93	
FR1	9a	95	
NE98	10a	97	
FR14	11a	99	
FR15	11a	101	
FR19	11a	105	

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
HCV-1	1a		GTTGTGACCTCGACCCCAAGCCCGGTGGCCATCAAGTCCTCACCGAG	
HCV-J	1b		-----T-G-C-----G-----A-GCA-----A-G-----G-----A-----	
BE90	1b		-----T-G-C-----G-G-----A-ACA-----A-----G-----G-----A-----	
BNL1	1d	53	-----T-G-C-----G-G-----T-----AA-----A-----G-----G-----	
BNL2	1d	55	-----T-G-C-----Y-G-G-----AA-----A-----G-----G-----	
FR17	1d	57	-----T-G-C-----G-G-----AA-----A-----G-----G-----	
CAM1078	1e	61	-----GC-----G-----A-----T-----A-----TT-G-----T-----A-----	
FR2	1f	63	-----T-----A-----G-G-----T-----AA-----A-----G-----	
FR16	1g	67	-----G-C-----G-G-----T-----A-----A-----G-----T-----	
HC-J6	2a		C-----TC-T-GCC-GAGG-G-----A-ACT-----AC-C-----A-----G-----T-----	
HC-J8	2b		C-----TCT-GCCT-AAG-----A-AACT-T-----AC-C-----G-----T-----	
BNL3	2e	69	C-----TC-T-ACC-GAG-G-----A-AACT-----AC-C-----AT-G-----T-----	
FR4	2f	71	CC-----CTC-T-ACC-GAG-G-----GACT-----AC-T-----AT-A-----T-----	
BNL5	2h	73	CC-----CTC-T-ACC-GAG-----AACT-----AC-T-----AT-G-----T-----	
FR13	2k	77	CC-----TCA-TCC-GAGG-G-----A-CT-----AC-C-----A-----T-----	
FR18	2l	79	CC-----CTCGT-GCC-GAGG-G-----GACT-T-----AC-T-----G-----T-----	
T1	3a		-C-----A-----T-----A-----GG-G-----A-GAGA-TG-----TCC-----G-----	
T9	3b		-C-----T-----G-----AG-G-----T-----GAA-----G-----GCG-T-----A-----	
PAK64	3g	81	-----T-----G-----GG-G-----TA-ACG-----A-----A-----G-----G-----A-----	

58/74

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
GB48	4c		-----G--G--G-----AA--A--T-CCG-----A--A----	
GB116	4c		-----G--G--G--G-----AGA--A--T-CCG-----A--A----	
GB215	4c		-----G--G--G--G-----AA--TA--T-CCG-----A--A----	
GB358	4c		-----G--G--G--G-----AA--A--T-CTG-----A--A----	
GB809	4e		-----T--G--G--G--G-----AA--TA--AGCCG-----G-----	
GB549	4g		-C--C-----G--G--G-----AA--TG--ATCCG-----A--G--A	
BNL8	4k	83	-----G--G--G--G-----T-----AA--TT--T-CCG-----A--A	
BNL12	4l	85	-----G--R--G-----AAA--A--ATCCG-----A-----	
EG81	4m	87	-----T--G--G--AG-G-----AA--A--ATCCG-----G-----	
CHR18	5a		CA-TGT--T-GC-G--TG-G--G--T-----A--ACG--A-----C-A	
VN13	7a	89	-C--A-GT-G--G--GC--A--GACA-----CA-G--T--T--C	
VN4	7c	91	-C--CC-A--T-----GGTG--A--AA--T--T-CA--T--G--T--	
VN12	7d	93	-C--CC-AT-A--T--GGT--A--GAAA-----T-CA--T--T--T--	
FR1	9a	95	CC--CC-G-----AG-G-----GAAA-----T-----T--	
NE98	10a	97	CC-----A-GGA-G--G--TA-GAG--TG--A-CT--A-----G--	
FR14	11a	99	C-----C-AT-GCCTGAAG-G-----GAAA-----T--A--G--G--A--	
FR15	11a	101	C-----C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----T--A--A--G--A--	
FR19	11a	103	C-----C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----A--A--G--A--	

169

WO 96/13590

5 9 / 7 4



08/836075

PCT/EP95/04155

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
HCV-1	1a		AGGCTTTATGTTGGGGCCCTCTTACCAATTCAGGGGGGAGAACTGCGG	
HCV-J	1b		C-----C-----T-C-G-T-----G-A-----C-----	
BE90	1b		C-----A-C-----T-C-G-T-----A-----C-----T-----	
BNL1	1d	53	C-----G-CA-C-----Y-A-----AA-AC-----	
BNL2	1d	55	C-----G-C-C-----C-A-----A-----C-----	
FR17	1d	57	C-----G-A-C-----T-C-A-----C-----AA-C-----	
CAM1078	1e	61	-----G-C-C-----G-CT-G-----AA-----	
FR2	1f	63	-----A-C-----T-C-G-A-C-----AA-C-----	
FR16	1g	67	C-----A-----C-----C-----C-----AA-AC-----	
HC-J6	2a		-----C-G-A-G-CA-GTT-----CAGC-A-----CC-----C-----	
HC-J8	2b		-----C-A-A-G-CA-G-A-----CAGC-AA-----C-ATC-----	
BNL3	2e	69	-----C-C-A-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-----C-ATC-----	
FR4	2f	71	-----C-G-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-----C-TC-----	
BNL5	2h	73	-----C-A-A-G-CA-G-TG-----CAGC-A-----AC-TC-----	
FR13	2k	77	-----G-C-G-A-T-CA-GCAG-----CAGC-A-----C-ATC-----	
FR18	2l	79	-----A-C-CA-A-C-G-GA-G-TG-----CAGC-AA-----CC-TC-----T-----	
T1	3a		C-----CTGC-----A-GTT-----CAGC-A-----CCC-A-----T-----	
T9	3b		C-----G-CA-C-A-T-CA-GTA-----CAGT-A-----CTCC-G-----	
PAK64	3g	81	C-----C-----A-T-CA-GTT-----CAGC-A-----CTC-A-----	

60/74

Isolate	Type	SEQ ID
GB48	4c	8032
GB116	4c	8081
GB215	4c	
GB358	4c	
GB809	4e	
GB549	4g	
BNL8	4k	83
BNL12	4l	85
EG81	4m	87
CHR18	5a	
VN13	7a	89
VN4	7c	91
VN12	7d	93
FR1	9a	95
NE98	10a	97
FR14	11a	99
FR15	11a	101
FR19	11a	105

--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC--A--A--CCTG--
--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC--A--A--CCTG--
--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--AGC--AA--A--CCTG--
--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC--A--A--CCTG--T--
--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC--A--A--CCTT--
--A--C--C--G--C--T--CA--GTA--C--C--A--A--CCTA--
--A--C--C--G--C--T--CA--GCA--CAGC--A--A--CCTT--T--
--R--C--CT--G--C--T--CA--GTAT--CAGC--AA--A--CT--
--A--C--C--G--C--T--CA--GTTT--CAGC--A--A--CCTA--T--
C--C--G--CTG--A--T--CA--GTAT--CAGC--A--A--C--AC--A--T--
C--AT--G--CTNC--T--T--CA--GTNT--C--T--AA--TC--GCA--T--
C--G--CTGC--W--G--CA--G--TG--C--CC--T--TC--ATCA--T--
C--G--CTGC--C--T--CA--GTA--C--TC--A--TC--TCA--T--
--C--C--C--A--GTA--C--A--A--CC--ACT--T--
C--CTG--T--T--A--GTT--CAGC--A--A--AC--AC--
--A--A--C--G--C--GA--GGAA--CAGC--A--A--CC--GCT--
--A--A--C--G--C--GA--GGAA--CAGC--AA--A--CC--GC--
--A--A--C--G--C--GA--GGAA--CAGC--A--A--CC--GC--

61/74

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
HCV-1	1a		CTATCGCAGGTGCCGCGGAGCGGCTACTGACAACTAGCTGTGGTAACA	
HCV-J	1b		T-----C-----A-T-----G-----G-----C-C-----	
BE90	1b		-----C-A-----A-----G-----G-C-----C-----T-----	
BNL1	1d	53	---C---TC-----C-----G-----G-----T-C-----C-C-----	
BNL2	1d	55	---TC---T-----T-----G-----C-C-----C-C-----	
FR17	1d	57	---C---TC-----C-----G-----T-C-----C-----T-----	
CAM1078	1e	61	-----A-----T-C-----CT-----C-----C-C-----	
FR2	1f	63	---C---C-A-----T-A-----C-----G-----C-C-----	
FR16	1g	67	-----C-----T-----T-G-----T-----C-----	
HC-J6	2a		G--CA-GC-T-----C-----G-G-T-C-----ATG-G-----	
HC-J8	2b		---CA-GC-T-----A-----T-T-T-C-C-C-----ATG-G-T-----	
BNL3	2e	69	A--CA-GCAT-----C-----A-G-C-C-C-----TATG-G-T-----	
FR4	2f	71	A--CA-GC-T-----T-----A-G-C-C-C-----TATG-G-----	
BNL5	2h	73	T--CA-AC-T-----C-----A-G-C-C-C-----ATG-G-T-----	
FR13	2k	77	A--CA-GC-C-----C-----G-G-C-C-C-----ATG-G-T-----	
FR18	2l	79	A--CA-GC-T-T-----C-----G-GT-C-C-----ATG-C-T-----	
T1	3a		T-----C-----T-C-T-A-C-C-C-T-C-----TC-C-----	
T9	3b		-----C-C-----C-----CT-C-T-C-----TC-C-T-----	
PAK64	3g	81	A-----C-T-----T-----T-T-C-C-----AC-----T-----	

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
GB48	4c		G---A-T---A---CTAC---C-C---TC-G---	
GB116	4c		G---A---T---CTAC---C-C---TC-G---	
GB215	4c		G---A---A---CTAC---C-C---TC-G---	
GB358	4c		G---A---A---CTAC---C-C---TC-G---	
GB809	4e		G---T-A---TAC---C-C---TC-G---	
GB549	4g		GC-A-G---G---CTAC---C-C---TC-G---	
BNL8	4k	83	G---G-A---A---CTAC---G-C---TC-A---	
BNL12	4l	85	G---G---A---GTAC---C-A---T-TC-G---	
EG81	4m	87	---C---A---CTAC---C-C---TC-A---	
CHR18	5a		T---T-A---C---CT-C-C---TATG-C---	
VN13	7a	89	A-C-T---A-G-C-T---CT---C-C-T-CTG-CC-T-	
VN4	7c	91	A-C-T---A-C-T---G-C-C-G---TG-C-T-	
VN12	7d	93	G-C---G-T-T-T-CT-C-C-A---TG-C---	
FR1	9a	95	TC-A---C-A---A---A---CC-C-A---ATG---	
NE98	10a	97	T-C---C-C---T-T-T-G-G-AC-C-C---TC-G---	
FR14	11a	99	A---A-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	
FR15	11a	101	A---A-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	
FR19	11a	105	A-CA-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	

63/74

Isolate	Type	SEQ ID
HCV-1	1a	8132
HCV-J	1b	8181
BE90	1b	
BNL1	1d	53
BNL2	1d	55
FR17	1d	57
CAM1078	1e	61
FR2	1f	63
FR16	1g	67
HC-J6	2a	
HC-J8	2b	
BNL3	2e	69
FR4	2f	71
BNL5	2h	73
FR13	2k	77
FR18	2l	79
T1	3a	
T9	3b	
PAK64	3g	81

CCCTCACTTGCTACATCAAGGCCCGGCAGCCCTGTCGAGCCGCGAGGGCTC
 -----A-T-T-T-G-----ACT-G-----T-AA-----
 ---T-A-T-T-C-A-----TCT-----T-GAA-----
 ---G-A-----T-G-A-A-A-G-----T-AA-----
 ---A-----T-G-A-A-A-G-----T-AA-----
 ---A-T-T-T-G-A-A-A-G-----T-GAA-----
 ---C-----T-----TA-----A-----T-CAA-----
 ---C-T-----A-----A-----T-GAA-----
 ---A-----C-G-A-GCC-G-----T-AA-----
 ---A-----TG-G-A-TTA-G-----AAG-T-----A-A
 ---A-G-A-T-----A-----TT-----G-AAG-T-----A-
 ---A-----G-----TA-G-T-----AA-A-----AA-A
 ---A-----G-T-TG-G-A-----TC-----T-AA-T-G-CA-T
 ---A-----A-----TG-G-----ATA-T-----CAA-T-----CA-
 -T-----A-----T-G-----A-G-----CA-G-----G-CA-T
 ---A-----G-----TG-G-A-AT-----T-CA-----T-C-A-T
 -AA-----T-----ACA-G-TGCGAAG-----C-----
 -AA-A-C-T-----ACT-----A-CA-G-T-G-T-----
 -AA-----C-----A-A-G-TGC-----T-G-C-T

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8181
GB48	4c		-A-G-G-TC-A-TCA-C-TATCA-G-G-	-G-
GB116	4c		-A-G-G-TC-A-TCA-C-TATCA-G-G-	-G-
GB215	4c		-A-G-G-TC-A-TCA-C-ATCA-G-GT-	-G-
GB358	4c		-A-G-G-TC-A-TCA-C-TATCA-G-G-	-G-
GB809	4e		-AA-G-G-TC-T-TCA-ATCA-G-T-G-	-A-
GB549	4g		-TG-A-G-TC-GTT-G-TAC-A-G-	-T-G-
BNL8	4k		-A-G-G-TC-A-TCA-T-TAT-A-G-	-G-
BNL12	4l		-AG-G-C-TC-T-ACC-TACCA-G-T-	-C-A-
EG81	4m		-A-G-G-C-TC-C-AC-C-TACCA-G-C-C-	-G-
CHR18	5a		-A-G-G-T-TTTA-CT-A-	-AA-
VN13	7a	89	-T-G-A-T-A-G-A-CA-T-C-	-G-
VN4	7c	91	-A-A-TT-G-A-A-AA-G-A-G-A-AA-	-
VN12	7d	93	-A-G-A-C-G-T-A-G-T-A-G-A-RAA-	-
FR1	9a	95	-A-A-T-C-G-AACC-C-T-C-A-C-CT-T	-
NE98	10a	97	-AA-C-T-A-AA-TACCA-T-C-AA-T	-
FR14	11a	99	-A-G-T-A-TAAA-G-T-AA-T-CA-T	-
FR15	11a	101	-A-G-T-AAR-T-AA-Y-T-CA-T	-
FR19	11a	105	-A-G-T-A-AA-G-T-AA-T-CA-T	-

Isolate	Type	SEQ ID
HCV-1	1a	8182
HCV-J	1b	8231
BE90	1b	
BNL1	1d	
BNL2	1d	
FR17	1d	
CAM1078	1e	
FR2	1f	
FR16	1g	
HC-J6	2a	
HC-J8	2b	
BNL3	2e	
FR4	2f	
BNL5	2h	
FR13	2k	
FR18	2l	
T1	3a	
T9	3b	
PAK64	3g	

8182 CAGGACTGCACCATGCTCGTGTGTGGCGACGACTTAGTCGTTATCTGTGA
-----G-----AAC--A-----C-T-----
-----G-----C-G-----C-T-----
-G-----C-G-----C-T-----
-----G-----C-A-----C-T-----
-----A-----C-A-----C-T-----
-----C-----C-----C-G-----G-----C-----
-----T-A-----C-----C-T-----C-----
-G-----A-----C-----C-----
ATT-CGCC--A--G-A-C--T--G-T--C--CA--
GT--CCTGTT--T-G--A--C-G--C--CA--
GT--C-CC--G--C--T--C--T--C--CA--
GTT-C-CC--G--C--T--C-G--T--C--CA--
GTT-CTCC--G--G--T--TC-G--A-C--CA--
GTT-CACC--A--G--G--C-G--C--CA--
G-C-C-CC--A--T-G-A--C-G--G--CA--
-G-A--CCGGA-T-T--T--C--C-A--T--TC-G--AG-GGC--
A-A--CCAT-TT-C--T--C--C-A--T--G--G--G-A-C--
--A--CCAT-AT-C--T--C--C-A--T--T--G--G--AG-GGC--

6 6 / 7 4

Isolate	Type	SEQ ID
GB48	4c	8182
GB116	4c	8231
GB215	4c	
GB358	4c	
GB809	4e	
GB549	4g	
BNL8	4k	
BNL12	4l	
EG81	4m	
CHR18	5a	
VN13	7a	
VN4	7c	
VN12	7d	
FR1	9a	
NE98	10a	
FR14	11a	
FR15	11a	
FR19	11a	

AGA-----T-G-C-----T-T-----C-G-T-C---GC---
AGA-----T-G-C-----T-T-----C-G-----C-TGC---
AGA-----T-----G-C-A-----T-----C-G-----C-TGCC---
AGA-----T-G-C-----T-T-----C-G-----C---GC---
A-----T-----G-T-C-T-----C-----G---GCC---
A-A-GT-----G-----T-----A-----C-----C---
AGA-----G-----G-T-C-T-----G-----C---GC---
A-A-----G-----G-C-C-T-----G-----C---GCC---
A-----T-----A-----G-T-C-G-----C-G-----C-GCA---
-----GC-C-G-----T-T-TC-T-G-CC-T-C---
A-----TTGA-----T-G-C-C-A-----C-T-----T-CG---
A-AA-----ATGA-----T-A-C-C-A-----TC-----GCG---
A-AA-----TTGA-----T-G-C-C-A-----C-----TGC---
ACA-----T-ATGA-----T-G-C-C-A-----T-G-T-CG-AAC---
A-AA-TCCAT-AT-C-T-C-C-A-T-----G-----G-TGC---
GTA-----CCGGTG-----C-T-----C-----G-C---CA---
GTT-----CCGGTG-----C-----C-----G-C---CA---
GTT-----CCAGTG-----C-----C-----G-C---CA---

6 7 / 7 4

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

6 8 / 7 4

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
GB48	4c		G---AT--C--AG-----AAACGACC--CG-----	
GB116	4c		-----AT--C--AG-----AAACGAGC--CG-----	
GB215	4c		G---AT--C--AG-----AAACGAGC--CG--T-	
GB358	4c		G---AT--C--TG-----AAACGAGC--CG-----	
GB809	4e		G---GT--C--TG-----AAACGANC--CG--T	
GB549	4g		G---GC--C--AG-----T--AAGAGC--CC-----	
BNL8	4k	83	G---AT--C--AG-----TAACCGAGC--CCN-----	
BNL12	4l	85	G---A--C--AG-----TT-CCAACC--CC-----	
EG81	4m	87	G---AT--C--GG-C-----CGCCGAGC--CCA--T	
CHR18	5a		G---CA--ACG--C-----TAAA-----	
VN13	7a	89	G---TTT-----TC-----A-TAGTGCA--C-----T	
VN4	7c	91	G---T-GA--A--TCT-----T-TT-ACGC--C-----A	
VN12	7d	93	G---GA--A--CT-----T--C-G-GC--C--T-	
FR1	9a	95	G---T--T--A--A--C-----TATC--T-A--C-----	
NE98	10a	97	G---T--A--A--G-T-----AA-AGCGC-T-----T	
FR14	11a	99	---AA-----GG-----CA-CG-GA--AC--T-	
FR15	11a	101	G---AA-----AG-----CA-CGAGA--AC	
FR19	11a	105	---AA-----GG-----CAACGAGA--AC--NT-	

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

69/74

Figure 6. NS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	2645	2694
HCV-1	1a		STVTESDIRTEEAIIYQCCDLDPQARVAIKSLTERLYVGGPLTNSRGENCG	
HCV-J	1b		-----N-----S-----A-E-Q-R-----K-Q-----	
2TY4	1c		-----H-D-A-N-----K-----	
BNL1	1d	54	-----N-V-S-----A-E-K-----I-X-----K-Q-----	
BNL2	1d	56	-----N-----XS-----AXE-K-----K-Q-----	
FR17	1d	58	-----N-V-S-----A-E-K-----I-----K-Q-----	
CAM1078	1e	62	-----A-----S-----H-E-----K-----	
FR2	1f	64	-----S-----E-K-R-----I-----K-Q-----	
FR16	1g	68	XX-----V-XS-----A-E-----K-Q-----	
HC-J6	2a		-----R-----S-RA-S-PEE-HT-H-----MF-K-QT-----	
HC-J8	2b		-----R-----S-A-S-PQE-TV-H-----M-K-QS-----	
ARG8	2c		-----S-S-PEE-T-H-----M-K-QS-----	
NE92	2d		-----R-----S-LA-S-PE-T-H-----ML-K-QT-----	
BNL3	2e	70	-----R-X-----S-A-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----	
FR4	2f	72	-----R-----S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----	
BNL5	2h	74	-----A-R-----S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----	
FR13	2k	78	-----R-V-SV-LS-S-PEE-A-H-----MQ-K-QS-----	
FR18	2l	80	-----R-N-S-FLA-S-PEE-TV-H-----I-MM-K-QS-----	
BR34	3a		-----C-----MF-K-AQ-----	
BR36	3a		-----C-----MF-K-AQ-----	
BR33	3a		-----C-----MF-K-AQ-----	
T9	3b		-----H-----E-----E-E-K-SA-----I-MY-K-LQ-----	
PAK64	3g	82	-----Q-V-E-----E-E-R-----MF-K-LK-----	

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

7 0 / 7 4

GB48	4c	---K---V---EV---E-E---K---TA---MH---K-DL---
GB116	4c	---K---V---EV---E-E---R---TA---MH---DL---
GB215	4c	---K---V---EV---E-E---KV---TA---MH---K-DL---
GB358	4c	---K---V---EV---E-E---K---TA---MH---K-DL---
GB809	4e	---R---KV---EV---E-E---KV---AA---MH---K-DL---
CAMG22	4f	---R---V---EV---E-ET---KV---SA---MH---DL---
GB549	4g	---R---E---E---E-E---KV---SA---MY---K-DL---
GB438	4h	---R---V---E---E-E---KV---SA---K---MY---K-DL---
CAR4/12054i		P---R-X-V---EV---N-EXDX---KV---NA---MH---K-DL---
CAR1/501	4j	---X-R---GEV---E-E---KV---TA---MF---K-DL---
EG13	4?	V---N-E-E---K---TA---MH---K-DL---
BNL8	4k	---K---P---EV---E-E---KV---TA---MH---K-DL---
BNL12	4l	---K---V---E---X-E---K---SA---X-L---MY---K-L---
EG81	4m	---R---V---EV---E-E---K---SA---MF---K-DL---
BE95	5a	---H---M---S---S---Q-E---A---R---Q---C---MY---K-QQ---
CHR18	5a	---H---M---S---S---SLY---Q-E---R---Q---C---MY---K-QQ---
VN13	7a	---R-VQ---HD---K-E-A---T---T---D---X---MX---K-QA---
VN4	7c	---R---X---HD---Q---V---K---T---CX---MM---QS---
VN12	7d	S---R---HD---Q---V---K---T---C---MY---QS---
FR1	9a	---GR---XD---LS---Q---E---K---RV---T---C---MY---K-QL---
NE98	10a	---Q---V-LS-F-A---KDE---RV---T---C---MF---K-QH---
FR14	11a	---R---S---LS---Q-PEE---K---ME---K-QA---
FR15	11a	---R---S-XXA---Q-PEE---K---ME---K-QA---
FR19	11a	---R---S-XXA---Q-PEE---K---ME---K-QA---

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

72/74

GB48	4c	Y--F--L--S--IK--R--A--
GB116	4c	Y--F--L--S--I--R--A--
GB215	4c	Y--F--L--S--I--S--R--Y--A--
GB358	4c	Y--F--L--S--I--R--A--
GB809	4e	Y--F--M--L--S--I--K--A--
CAMG22	4f	Y--F--FL--T--TK--K--A--
GB549	4g	Q--Y--F--V--L--V--T--KG--S--
GB438	4h	L--Y--F--V--L--T--T--K--A--
CAR4/12054i		I--Y--F--L--T--T--K--A--
CAR1/501 4j		Q--F--F--L--T--T--K--S--
EG13	4?	--F--F--L--T--I--R--
BNL8	4k	--Y--F--L--S--I--R--A--
BNL12	4l	--Y--F--V--L--T--T--K--A--
EG81	4m	--Y--F--L--T--T--K--A--
BE95	5a	--F--M--M--L--S--R--R--L--A--
CHR18	5a	--F--M--M--L--S--K--L--A--
VN13	7a	--ILA--L--Q--K--FD--S--
VN4	7c	--L--L--Q--K--KNYD--A--
VN12	7d	--F--L--M--L--Q--XK--KNFD--A--
FR1	9a	Q--P--M--I--FL--T--FT--YD--VT--
NE98	10a	--P--F--I--K--TK--IKNPSF--A--
FR14	11a	--F--L--M--K--K--IV--PV--S--
FR15	11a	--F--L--M--X--KX--IV--PV--S--
FR19	11a	--F--L--M--K--K--IV--PV--S--

73 / 74

Isolate	Type	SEQ ID	2745	2757
HCV-1	1a		SAGVQEDAA	SLRA
HCV-J	1b		---	T-----A---
BE90	1b		---	T-----V
BNL1	1d	54	---	E-----N---
BNL2	1d	56	---	E-----N--V
FR17	1d	58	---	X--E-----N--V
CAM1078	1e	62	---	V-T-----
FR2	1f	64	IE-XX--PS	
FR16	1g	68	---	---
HC-J6	2a		---	Q-TE--ERN---
HC-J8	2b		---	Q-NE--ERN---
NE92	2d		---	Q-TE--ERN---
BNL3	2e	70	---	Q--E--DRN-
FR4	2f	72	---	Q-AE--ERN--V
BNL5	2h	74	---	Q-TE--ERN--V
FR13	2k	78	---	Q-TER-ENN--P
FR18	2l	80	---	Q-TE--ERN--V
BR34	3a			
BR36	3a			
BR33	3a			
T9	3b		---	C--E--R-A---
PAK64	3g	82	---	CX-D-EDRAALR

74/74

GB48	4C	-D--E--KRP-G--
GB116	4C	-D--E--KRA-G--
GB215	4C	-D--E--KRA-GV
GB358	4C	-D--E--KRA-G--
GB809	4e	-G--E--KRX-G--
CAMG22	4f	-D--E--RRA-G--
GB549	4g	-G--E--RA--
GB438	4h	-G--E--RA--
CAR4/12054i		-I-ID--KQA--T
CAR1/501 4j		---E--PXTX-P
BNL8	4k	-D--E--NRA-X-
BNL12	4l	-E--E--SQP---
EG81	4m	-D--D--RRA-Q-
BE95	5a	-Q-TH--E-----
CHR18	5a	-Q-TH--K-----
VN13	7a	-L--S--TSA---
VN4	7c	-G--S--VDA---
VN12	7d	-G--P--GA--V
FR1	9a	---N--I-N---
NE98	10a	---ID--KSA---
FR14	11a	-K--E--QRD--V
FR15	11a	-K--E--QRD--
FR19	11a	-K--E--QRD--

84
86
88
90
92
94
96
98
100
102
106